

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
4 octobre 2001 (04.10.2001)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 01/72822 A2

(51) Classification internationale des brevets⁷ :

C07K 14/47

rue Bertré Albrecht, F-92220 Bagneux (FR). **LESAGE, Suzanne** [FR/FR]; 2, allée de la Rocade, F-78700 Conflans-Sainte-Honorine (FR). **CHAMAILLARD, Mathias** [FR/FR]; 3, rue des Ecureuils, F-37300 Joue-les-Tours (FR).

(21) Numéro de la demande internationale :

PCT/FR01/00935

(22) Date de dépôt international : 27 mars 2001 (27.03.2001)

(74) Mandataires : **MARTIN, Jean-Jacques** etc.; Cabinet Regimbeau, 20, rue de Chazelles, F-75847 Paris Cedex 17 (FR).

(25) Langue de dépôt :

français

(26) Langue de publication :

français

(81) États désignés (*national*) : AU, CA, JP, NZ, US, ZA.

(30) Données relatives à la priorité :

00/03832 27 mars 2000 (27.03.2000) FR

(84) États désignés (*régional*) : brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR).

(71) Déposant (*pour tous les États désignés sauf US*) : **FONDATION JEAN DAUSSET-CEPH** [FR/FR]; 27, rue Juliette Dodu, F-75010 Paris (FR).

Publiée :

— *sans rapport de recherche internationale, sera republiée dès réception de ce rapport*

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (*pour US seulement*) : **HUGOT, Jean-Pierre** [FR/FR]; 5, rue de Thionville, F-75019 Paris (FR). **THOMAS, Gilles** [FR/FR]; 15, rue Buffon, F-75005 Paris (FR). **ZOUALI, Mohamed** [FR/FR]; 4,

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.



WO 01/72822 A2

(54) Title: GENES INVOLVED IN INTESTINAL INFLAMMATORY DISEASES AND USE THEREOF

(54) Titre : GENES IMPLIQUES DANS LES MALADIES INFLAMMATOIRES DE L'INTESTIN ET LEUR UTILISATION

(57) Abstract: The invention concerns genes involved in inflammatory and/or immune diseases and some cancers, in particular intestinal cryptogenic inflammatory diseases, and proteins coded by said genes. The invention also concerns methods for diagnosing inflammatory diseases.

(57) Abrégé : La présente invention concerne des gènes impliqués dans les maladies inflammatoires et/ou immunes et certains cancers, en particulier les maladies inflammatoires cryptogénétiques de l'intestin, ainsi que les protéines codées par ces gènes. Des méthodes de diagnostics de maladies inflammatoires sont également des objets de la présente invention.

GENES IMPLIQUES DANS LES MALADIES INFLAMMATOIRES DE L'INTESTIN ET LEUR UTILISATION

La présente invention concerne des gènes impliqués dans les
5 maladies inflammatoires et/ou immunes et certains cancers, en particulier les
maladies inflammatoires cryptogénétiques de l'intestin, ainsi que les protéines
codées par ces gènes. Des méthodes de diagnostics de maladies inflammatoires sont
également des objets de la présente invention.

Les maladies inflammatoires cryptogénétiques de l'intestin (MICI) sont des
10 maladies caractérisées par une inflammation du tube digestif dont la cause est
inconnue. Selon la localisation et les caractéristiques de l'inflammation on distingue
deux entités nosologiques différentes: la rectocolite hémorragique (RCH) et la
maladie de Crohn (MC). La RCH a été décrite par S Wilkes en 1865 tandis que le
premier cas d'iléite régionale a été rapportée par Crohn en 1932. En réalité, il est
15 possible que ces deux maladies soient beaucoup plus anciennes.

Les MICI sont des maladies chroniques qui évoluent tout au long de la vie et
qui touchent environ 1 à 2 personnes sur 1000 habitants dans les pays occidentaux,
ce qui représente entre 60.000 et 100.000 malades en France. Il s'agit de maladies
apparaissant chez le sujet jeune (le pic d'incidence est dans la troisième décennie),
20 évoluant par poussées entrecoupées de rémissions, avec des complications
fréquentes telles que la dénutrition, le retard de croissance chez l'enfant, la
déméralisation osseuse et à terme la dégénérescence maligne vers le cancer du
colon. Il n'existe pas de traitement spécifique. Les thérapeutiques habituelles font
appel aux anti-inflammatoires, aux immunosuppresseurs et à la chirurgie. Tous ces
25 moyens thérapeutiques sont eux-mêmes source d'une morbidité iatrogène
importante. Pour toutes ces raisons les MICI apparaissent comme un important
problème de santé publique.

L'étiologie des MICI est actuellement inconnue. Des facteurs
d'environnement sont impliqués dans la survenue de la maladie comme en
30 témoignent l'augmentation séculaire d'incidence de la maladie et la concordance
incomplète chez les jumeaux monozygotes. Les seuls facteurs de risque
environnementaux actuellement reconnus sont 1) le tabac dont le rôle est néfaste

dans la MC et bénéfique dans la RCH et 2) l'appendicectomie qui a un rôle protecteur pour la RCH.

Une prédisposition génétique est depuis longtemps suspectée devant l'existence d'agrégations ethniques et familiales de ces maladies. En effet, les MICI
5 sont plus fréquentes dans la population caucasienne et en particulier la population juive d'Europe centrale. Les formes familiales représentent de 6 à 20% des cas de MICI. Elles sont particulièrement fréquentes lorsque le début de la maladie est précoce. Cependant, ce sont les études chez les jumeaux qui ont permis de confirmer le caractère génétique de ces maladies. En effet, le taux de concordance
10 entre jumeaux pour ces maladies est plus important chez les jumeaux monozygotes que chez les jumeaux dizygotes plaidant fortement pour une composante héréditaire aux MICI, en particulier à la MC. Selon toute vraisemblance, les MICI sont des maladies génétiques complexes faisant intervenir plusieurs gènes différents, en interaction entre eux et avec des facteurs d'environnement. Les MICI peuvent donc
15 être classées dans le cadre des maladies multifactorielles.

Deux grandes stratégies ont été développées afin de mettre en évidence les gènes de susceptibilité aux MICI. La première repose sur l'analyse de gènes candidats pour des raisons physiopathologiques. Ainsi de nombreux gènes ont été proposés comme potentiellement importants pour les MICI. Il s'agit souvent de
20 gènes ayant un rôle dans l'inflammation et la réponse immune. On peut citer les gènes HLA, TAP, TNF, MICA, le récepteur T du lymphocyte, ICAM1, l'interleukine 1, CCR5, etc. D'autres gènes participent à des fonctions diverses tels que GAI2, la motiline, MRAMP, HMLH1, etc. En réalité, aucun des différents gènes candidats étudiés n'a actuellement fait la preuve définitive de son rôle dans la
25 survenue des MICI.

Le récent développement de cartes du génome humain utilisant des marqueurs génétiques hautement polymorphes a permis aux généticiens de développer une approche non ciblée sur l'ensemble du génome. Cette démarche, appelée aussi génétique inverse ou clonage positionnel, ne fait aucune hypothèse sur
30 les gènes impliqués dans la maladie et tente de découvrir ceux-ci à travers un criblage systématique du génome. La méthode la plus utilisée pour les maladies génétiques complexes repose sur l'étude de l'identité par la descendance des malades d'une même famille. Cette valeur est calculée pour un grand nombre (300-

400) de marqueurs de polymorphisme répartis régulièrement (tous les 10cM) sur le génome. En cas d'excès d'identité entre malades, le(s) marqueur(s) testé(s) indique(nt) une région supposée contenir un gène de susceptibilité à la maladie. Dans le cas des maladies génétiques complexes, le modèle sous-jacent à la
5 prédisposition génétique (nombre de gènes et importance respective de chacun d'entre eux) étant inconnu, les méthodes statistiques à utiliser devront être adaptées.

La présente invention concerne la mise en évidence de la séquence nucléique de gènes impliqués dans les MICI, et d'autres maladies inflammatoires, ainsi que l'utilisation de ces séquences nucléiques.

10 Dans le cadre de la présente invention, des travaux préliminaires des inventeurs ont déjà permis de localiser un gène de susceptibilité à la MC. En effet, les inventeurs (Hugot et al., 1996) ont montré qu'un gène de susceptibilité à la MC était localisé dans la région péricentromérique du chromosome 16 (figure 1). Il s'agissait du premier gène de susceptibilité à une maladie génétique complexe
15 localisé par clonage positionnel et satisfaisant aux critères stricts proposés dans la littérature (Lander et Kruglyak, 1995). Ce gène a été nommé IBD1 (pour Inflammatory Bowel Disease 1). Depuis, d'autres localisations ont été proposées par d'autres auteurs en particulier sur les chromosomes 12, 1, 3, 6 et 7 (Satsangi et al., 1996 ; Cho et al., 1998). Bien que localisés, aucun de ces gènes de susceptibilité
20 aux MICI n'a actuellement pu être identifié.

Certains auteurs n'ont pu répliquer cette localisation (Rioux et al., 1998). Ceci n'est cependant pas surprenant dans le cas de maladies génétiques complexes où une hétérogénéité génétique est probable.

Il est intéressant de noter que selon la même approche de clonage
25 positionnel, des localisations ont aussi été proposées sur le chromosome 16 pour plusieurs maladies immunes et inflammatoires telles que la spondylarthrite ankylosante, le syndrome de Blau, le psoriasis, etc. (Becker et al., 1998 ; Tromp et al., 1996). Toutes ces maladies pourraient alors partager un même gène (ou un même groupe de gènes) localisé sur le chromosome 16.

30 Le maximum des tests de liaison génétique est situé pratiquement toujours à la même position, au niveau de D16S409 ou D16S411 séparés seulement de 2cM. Ce résultat est en opposition avec la taille importante (habituellement supérieure à

20cM) de l'intervalle de confiance attribuable à la localisation génétique selon une démarche utilisant des analyses de liaison non paramétriques.

La comparaison des tests statistiques utilisés dans les travaux des inventeurs montre que les tests basés sur l'identité par descendance complète (Tz2) sont
5 meilleurs que les tests basés sur la moyenne de l'identité par descendance (Tz) (fig. 1). Une telle différence peut être expliquée par un effet récessif de IBD1.

Plusieurs gènes connus dans la région péricentromérique du chromosome 16, tels que le récepteur à l'interleukine 4, CD19, CD43, CD11, apparaissent comme de bons candidats potentiels pour la MC. Des résultats préliminaires ne plaident
10 cependant pas en faveur de l'implication de ces gènes dans la MC.

En particulier, la présente invention fournit la séquence non seulement du gène IBD1, mais également la séquence partielle d'un autre gène, appelé IBD1prox en raison de sa localisation à proximité d'IBD, et mis en évidence comme rapporté dans les exemples ci-après. Ces gènes dont la séquence d'ADNc correspond
15 respectivement à SEQ ID N° 1 et SEQ ID N° 4 sont donc potentiellement impliqués dans de nombreuses maladies inflammatoires et/ou immunes ainsi que dans des cancers.

La séquence peptidique exprimée par les gènes IBD1 et IBD1prox est représentée par SEQ ID N° 2 et SEQ ID N° 5 respectivement; la séquence
20 génomique de ces gènes est représentée par SEQ ID N° 3 et SEQ ID N° 6 respectivement.

Ainsi, la présente invention a pour objet un acide nucléique purifié ou isolé, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléique choisie dans le groupe de séquences suivantes :

- 25 a) SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4 et SEQ ID N° 6 ;
b) la séquence d'un fragment d'au moins 15 nucléotides consécutifs d'une séquence choisie parmi SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4 ou SEQ ID N° 6 ;
c) une séquence nucléique présentant un pourcentage d'identité
30 d'au moins 80 %, après alignement optimal avec une séquence définie en a) ou b) ;
d) une séquence nucléique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléique définie en a) ou b) ;

e) la séquence complémentaire ou la séquence de l'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b), c) ou d).

La séquence d'acides nucléiques selon l'invention définie en c) présente un pourcentage d'identité d'au moins 80 % après alignement optimal avec une
5 séquence telle que définie en a) ou b) ci-dessus, de préférence 90 %, de façon la plus préférée 98 %.

Par acide nucléique, séquence nucléique ou d'acide nucléique, polynucléotide, oligonucléotide, séquence de polynucléotide, séquence
nucléotidique, termes qui seront employés indifféremment dans la présente
10 description, on entend désigner un enchaînement précis de nucléotides, modifiés ou non, permettant de définir un fragment ou une région d'un acide nucléique, comportant ou non des nucléotides non naturels, et pouvant correspondre aussi bien à un ADN double brin, un ADN simple brin que des produits de transcription desdits ADNs. Ainsi, les séquences nucléiques selon l'invention englobent
15 également les PNA (Peptid Nucleic Acid), ou analogues.

Il doit être compris que la présente invention ne concerne pas les séquences nucléotidiques dans leur environnement chromosomique naturel, c'est-à-dire à l'état naturel. Il s'agit de séquences qui ont été isolées et/ou purifiées, c'est-à-dire qu'elles ont été prélevées directement ou indirectement, par exemple par copie, leur
20 environnement ayant été au moins partiellement modifié. On entend ainsi également désigner les acides nucléiques obtenus par synthèse chimique.

Par « pourcentage d'identité » entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés au sens de la présente invention, on entend désigner un pourcentage de nucléotides ou de résidus d'acides aminés identiques entre les deux
25 séquences à comparer, obtenu après le meilleur alignement, ce pourcentage étant purement statistique et les différences entre les deux séquences étant réparties au hasard et sur toute leur longueur. On entend désigner par "meilleur alignement" ou "alignement optimal", l'alignement pour lequel le pourcentage d'identité déterminé comme ci-après est le plus élevé. Les comparaisons de séquences entre deux
30 séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés sont traditionnellement réalisées en comparant ces séquences après les avoir alignées de manière optimale, ladite comparaison étant réalisée par segment ou par « fenêtre de comparaison » pour identifier et comparer les régions locales de similarité de séquence. L'alignement

optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé, outre manuellement, au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Smith et Waterman (1981), au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Neddleman et Wunsch (1970), au moyen de la méthode de recherche de similarité de Pearson et Lipman (1988), au
5 moyen de logiciels informatiques utilisant ces algorithmes (GAP, BESTFIT, BLAST P, BLAST N, FASTA et TFASTA dans le Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI). Afin d'obtenir l'alignement optimal, on utilise de préférence le programme BLAST, avec la matrice BLOSUM 62. On peut également utiliser les matrices PAM ou PAM250.

10 Le pourcentage d'identité entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés est déterminé en comparant ces deux séquences alignées de manière optimale, la séquence d'acides nucléiques ou d'acides aminés à comparer pouvant comprendre des additions ou des délétions par rapport à la séquence de référence pour un alignement optimal entre ces deux séquences. Le pourcentage
15 d'identité est calculé en déterminant le nombre de positions identiques pour lesquelles le nucléotide ou le résidu d'acide aminé est identique entre les deux séquences, en divisant ce nombre de positions identiques par le nombre total de positions comparées et en multipliant le résultat obtenu par 100 pour obtenir le pourcentage d'identité entre ces deux séquences.

20 Par séquences nucléiques présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 %, après alignement optimal avec une séquence de référence, on entend désigner les séquences nucléiques présentant, par rapport à la séquence nucléique de référence, certaines modifications comme en particulier une délétion, une troncation, un allongement,
25 une fusion chimérique, et/ou une substitution, notamment ponctuelle, et dont la séquence nucléique présente au moins 80 %, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 %, d'identité après alignement optimal avec la séquence nucléique de référence. Il s'agit de préférence de séquences dont les séquences complémentaires sont susceptibles de s'hybrider spécifiquement avec les séquences SEQ ID N° 1 ou
30 SEQ ID N° 4 de l'invention. De préférence, les conditions d'hybridation spécifiques ou de forte stringence seront telles qu'elles assurent au moins 80 %, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 % d'identité après alignement optimal entre l'une des deux séquences et la séquence complémentaire de l'autre.

Une hybridation dans des conditions de forte stringence signifie que les conditions de température et de force ionique sont choisies de telle manière qu'elles permettent le maintien de l'hybridation entre deux fragments d'ADN complémentaires. A titre illustratif, des conditions de forte stringence de l'étape
5 d'hybridation aux fins de définir les fragments polynucléotidiques décrits ci-dessus, sont avantageusement les suivantes.

L'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1) préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM, pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M
10 citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation proprement dite pendant 20 heures à une température dépendant de la taille de la sonde (i.e. : 42°C, pour une sonde de taille > 100 nucléotides) suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à
15 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C pour une sonde de taille > 100 nucléotides. Les conditions d'hybridation de forte stringence décrites ci-dessus pour un polynucléotide de taille définie, peuvent être adaptées par l'homme du métier pour des oligonucléotides de taille plus grande ou plus petite, selon l'enseignement de
20 Sambrook et al., 1989.

Parmi les séquences nucléiques présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 %, après alignement optimal avec la séquence selon l'invention, on préfère également les séquences nucléiques variantes de SEQ ID N° 1, ou de SEQ ID N° 4, ou de leurs fragments,
25 c'est-à-dire l'ensemble des séquences nucléiques correspondant à des variants alléliques, c'est-à-dire des variations individuelles des séquences SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4. Ces séquences mutées naturelles correspondent à des polymorphismes présents chez les mammifères, en particulier chez l'être humain et, notamment, à des polymorphismes pouvant conduire à la survenue d'une
30 pathologie. De préférence, la présente invention concerne les séquences nucléiques variantes dans lesquelles les mutations conduisent à une modification de la séquence d'acides aminés du polypeptide, ou de ses fragments, codés par la séquence normale de SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4.

On entend également désigner par séquence nucléique variante tout ARN ou ADNc résultant d'une mutation et/ou variation d'un site d'épissage de la séquence nucléique génomique dont l'ADNc a pour séquence SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4.

5 L'invention concerne de préférence un acide nucléique purifié ou isolé selon la présente invention, caractérisé en ce qu'il comprend ou est constitué de l'une des séquences SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4, de leurs séquences complémentaires ou des séquences de l'ARN correspondant à SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4.

Les amorces ou sondes, caractérisées en ce qu'elles comprennent une séquence d'un acide nucléique selon l'invention, font également partie de
10 l'invention.

Ainsi, la présente invention concerne également les amorces ou les sondes selon l'invention qui peuvent permettre en particulier de mettre en évidence ou de discriminer les séquences nucléiques variantes, ou d'identifier la séquence génomique des gènes dont l'ADNc est représenté par SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N°
15 4, en utilisant notamment une méthode d'amplification telle que la méthode PCR, ou une méthode apparentée.

L'invention concerne également l'utilisation d'une séquence d'acide nucléique selon l'invention comme sonde ou amorce, pour la détection, l'identification, le dosage ou l'amplification de séquence d'acide nucléique.

20 Selon l'invention, les polynucléotides pouvant être utilisés comme sonde ou comme amorce dans des procédés de détection, d'identification, de dosage ou d'amplification de séquence nucléique, présentent une taille minimale de 15 bases, de préférence de 20 bases, ou mieux de 25 à 30 bases.

Les sondes et amorces selon l'invention peuvent être marquées directement
25 ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'homme du métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

Les séquences de polynucléotides selon l'invention non marquées peuvent être utilisées directement comme sonde ou amorce.

30 Les séquences sont généralement marquées pour obtenir des séquences utilisables pour de nombreuses applications. Le marquage des amorces ou des sondes selon l'invention est réalisé par des éléments radioactifs ou par des molécules non radioactives.

Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le ^{32}P , le ^{33}P , le ^{35}S , le ^3H ou le ^{125}I . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels la biotine, l'avidine, la streptavidine, la dioxygénine, les haptènes, les colorants, les agents luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents, bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

Les polynucléotides selon l'invention peuvent ainsi être utilisés comme amorce et/ou sonde dans des procédés mettant en oeuvre notamment la technique de PCR (amplification en chaîne par polymérase) (Rolfs et al., 1991). Cette technique nécessite le choix de paires d'amorces oligonucléotidiques encadrant le fragment qui doit être amplifié. On peut, par exemple, se référer à la technique décrite dans le brevet américain U.S. N° 4,683,202. Les fragments amplifiés peuvent être identifiés, par exemple après une électrophorèse en gel d'agarose ou de polyacrylamide, ou après une technique chromatographique comme la filtration sur gel ou la chromatographie échangeuse d'ions, puis séquencés. La spécificité de l'amplification peut être contrôlée en utilisant comme amorces les séquences nucléotidiques de polynucléotides de l'invention et comme matrices, des plasmides contenant ces séquences ou encore les produits d'amplification dérivés. Les fragments nucléotidiques amplifiés peuvent être utilisés comme réactifs dans des réactions d'hybridation afin de mettre en évidence la présence, dans un échantillon biologique, d'un acide nucléique cible de séquence complémentaire à celle desdits fragments nucléotidiques amplifiés.

L'invention vise également les acides nucléiques susceptibles d'être obtenus par amplification à l'aide d'amorces selon l'invention.

D'autres techniques d'amplification de l'acide nucléique cible peuvent être avantageusement employées comme alternative à la PCR (PCR-like) à l'aide de couple d'amorces de séquences nucléotidiques selon l'invention. Par PCR-like on entend désigner toutes les méthodes mettant en oeuvre des reproductions directes ou indirectes des séquences d'acides nucléiques, ou bien dans lesquelles les systèmes de marquage ont été amplifiés, ces techniques sont bien entendu connues. En général il s'agit de l'amplification de l'ADN par une polymérase ; lorsque l'échantillon d'origine est un ARN il convient préalablement d'effectuer une transcription reverse. Il existe actuellement de très nombreux procédés permettant cette amplification, comme par exemple la technique SDA (Strand Displacement

Amplification) ou technique d'amplification à déplacement de brin (Walker et al., 1992), la technique TAS (Transcription-based Amplification System) décrite par Kwoh et al. (1989), la technique 3SR (Self-Sustained Sequence Replication) décrite par Guatelli et al. (1990), la technique NASBA (Nucleic Acid Sequence Based Amplification) décrite par Kievitis et al. (1991), la technique TMA (Transcription Mediated Amplification), la technique LCR (Ligase Chain Reaction) décrite par Landegren et al. (1988), la technique de RCR (Repair Chain Reaction) décrite par Segev (1992), la technique CPR (Cycling Probe Reaction) décrite par Duck et al. (1990), la technique d'amplification à la Q-béta-réplacase décrite par Miele et al. (1983). Certaines de ces techniques ont depuis été perfectionnées.

Dans le cas où le polynucléotide cible à détecter est un ARNm, on utilise avantageusement, préalablement à la mise en oeuvre d'une réaction d'amplification à l'aide des amorces selon l'invention ou à la mise en oeuvre d'un procédé de détection à l'aide des sondes de l'invention, une enzyme de type transcriptase inverse afin d'obtenir un ADNc à partir de l'ARNm contenu dans l'échantillon biologique. L'ADNc obtenu servira alors de cible pour les amorces ou les sondes mises en oeuvre dans le procédé d'amplification ou de détection selon l'invention.

La technique d'hybridation de sondes peut être réalisée de manières diverses (Matthews et al., 1988). La méthode la plus générale consiste à immobiliser l'acide nucléique extrait des cellules de différents tissus ou de cellules en culture sur un support (tels que la nitrocellulose, le nylon, le polystyrène) et à incubé, dans des conditions bien définies, l'acide nucléique cible immobilisé avec la sonde. Après l'hybridation, l'excès de sonde est éliminé et les molécules hybrides formées sont détectées par la méthode appropriée (mesure de la radioactivité, de la fluorescence ou de l'activité enzymatique liée à la sonde).

Selon un autre mode de mise en oeuvre des sondes nucléiques selon l'invention, ces dernières peuvent être utilisées comme sondes de capture. Dans ce cas, une sonde, dite « sonde de capture », est immobilisée sur un support et sert à capturer par hybridation spécifique l'acide nucléique cible obtenu à partir de l'échantillon biologique à tester et l'acide nucléique cible est ensuite détecté grâce à une seconde sonde, dite « sonde de détection », marquée par un élément facilement détectable.

Parmi les fragments d'acides nucléiques intéressants, il faut ainsi citer en particulier les oligonucléotides anti-sens, c'est-à-dire dont la structure assure, par hybridation avec la séquence cible, une inhibition de l'expression du produit correspondant. Il faut également citer les oligonucléotides sens qui, par interaction
5 avec des protéines impliquées dans la régulation de l'expression du produit correspondant, induiront soit une inhibition, soit une activation de cette expression.

Dans les deux cas (sens et anti-sens), les oligonucléotides de l'invention peuvent être utilisés *in vitro* et *in vivo*.

La présente invention concerne également un polypeptide isolé caractérisé
10 en ce qu'il comprend un polypeptide choisi parmi :

- a) un polypeptide de séquence SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5 ;
- b) un polypeptide variant d'un polypeptide de séquence définie en a) ;
- c) un polypeptide homologue à un polypeptide défini en a) ou b),
15 comportant au moins 80 % d'identité avec ledit polypeptide de a) ;
- d) un fragment d'au moins 15 acides aminés consécutifs d'un polypeptide défini en a) , b) ou c) ;
- e) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide défini en a),
20 b) ou c).

Par « polypeptide », on entend, au sens de la présente invention, désigner des protéines ou des peptides.

Par « fragment biologiquement actif », on entend un fragment possédant la même activité biologique que le fragment peptidique dont il est déduit, de
25 préférence dans le même ordre de grandeur (à un facteur 10 près). Ainsi, les exemples montrent que la protéine IBD1 (SEQ ID N° 2) a un rôle potentiel dans les phénomènes d'apoptose. Un fragment biologiquement actif de la protéine IBD1 consiste donc en un polypeptide issu de SEQ ID N° 2 possédant également un rôle dans l'apoptose. Les exemples ci-après proposent des fonctions biologiques pour les
30 protéines IBD1 et IBD1prox, en fonction des domaines peptidiques de ces protéines et permettent ainsi à l'homme du métier d'identifier les fragments biologiquement actifs.

De préférence un polypeptide selon l'invention est un polypeptide constitué de la séquence SEQ ID N° 2 (correspondant à la protéine codée par le gène IBD1) ou de la séquence SEQ ID N° 5 (correspondant à la protéine codée par IBD1prox) ou d'une séquence possédant au moins 80 % d'identité avec SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5 après alignement optimal.

La séquence du polypeptide présente un pourcentage d'identité d'au moins 80 % après alignement optimal avec les séquences SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 %.

Par polypeptide dont la séquence d'acides aminés présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 %, après alignement optimal avec une séquence de référence, on entend désigner les polypeptides présentant certaines modifications par rapport au polypeptide de référence, comme en particulier une ou plusieurs délétions, troncations, un allongement, une fusion chimérique, et/ou une ou plusieurs substitutions.

Parmi les polypeptides dont la séquence d'acides aminés présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence 90 %, de façon plus préférée 98 %, après alignement optimal avec les séquences SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 5 ou avec l'un de leurs fragments selon l'invention, on préfère les polypeptides variants codés par les séquences nucléiques variantes telles que précédemment définies, en particulier les polypeptides dont la séquence d'acides aminés présente au moins une mutation correspondant notamment à une troncation, délétion, substitution et/ou addition d'au moins un résidu d'acide aminé par rapport aux séquences SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 5 ou avec l'un de leurs fragments, de manière plus préférée les polypeptides variants présentant une mutation liée à une pathologie.

La présente invention concerne également les vecteurs de clonage et/ou d'expression comprenant un acide nucléique ou codant pour un polypeptide selon l'invention. Un tel vecteur peut également contenir les éléments nécessaires à l'expression et éventuellement à la sécrétion du polypeptide dans une cellule hôte. Une telle cellule hôte est également un objet de l'invention.

Les vecteurs caractérisés en ce qu'ils comportent une séquence de promoteur et/ou de régulateur selon l'invention, font également partie de l'invention.

Lesdits vecteurs comportent de préférence un promoteur, des signaux d'initiation et de terminaison de la traduction, ainsi que des régions appropriées de régulation de la transcription. Ils doivent pouvoir être maintenus de façon stable dans la cellule et peuvent éventuellement posséder des signaux particuliers
5 spécifiant la sécrétion de la protéine traduite.

Ces différents signaux de contrôle sont choisis en fonction de l'hôte cellulaire utilisé. A cet effet, les séquences d'acide nucléique selon l'invention peuvent être insérées dans des vecteurs à répllication autonome au sein de l'hôte choisi, ou des vecteurs intégratifs de l'hôte choisi.

10 Parmi les systèmes à répllication autonome, on utilise de préférence en fonction de la cellule hôte, des systèmes de type plasmidique ou viral, les vecteurs viraux pouvant notamment être des adénovirus (Perricaudet et al., 1992), des rétrovirus, des lentivirus, des poxvirus ou des virus herpétiques (Epstein et al., 1992). L'homme du métier connaît les technologies utilisables pour chacun de ces
15 systèmes.

Lorsque l'on souhaite l'intégration de la séquence dans les chromosomes de la cellule hôte, on peut utiliser par exemple des systèmes de type plasmidique ou viral ; de tels virus sont, par exemple, les rétrovirus (Temin, 1986), ou les AAV (Carter, 1993).

20 Parmi les vecteurs non viraux, on préfère les polynucléotides nus tels que l'ADN nu ou l'ARN nu selon la technique développée par la société VICAL, les chromosomes artificiels de bactérie (BAC, bacterial artificial chromosome), les chromosomes artificiels de levure (YAC, yeast artificial chromosome) pour l'expression dans la levure, les chromosomes artificiels de souris (MAC, mouse
25 artificial chromosome) pour l'expression dans les cellules murines et de manière préférée les chromosomes artificiels d'homme (HAC, human artificial chromosome) pour l'expression dans les cellules humaines.

De tels vecteurs sont préparés selon les méthodes couramment utilisées par l'homme du métier, et les clones en résultant peuvent être introduits dans un hôte
30 approprié par des méthodes standard, telles que par exemple la lipofection, l'électroporation, le choc thermique, la transformation après perméabilisation chimique de la membrane, la fusion cellulaire.

L'invention comprend en outre les cellules hôtes, notamment les cellules eucaryotes et procaryotes, transformées par les vecteurs selon l'invention ainsi que les animaux transgéniques, de préférence les mammifères, excepté l'Homme, comprenant une desdites cellules transformées selon l'invention. Ces animaux
5 peuvent être utilisés en temps que modèles, pour l'étude de l'étiologie de maladies inflammatoires et/ou immunes, et en particulier des maladies inflammatoires du tube digestif, ou pour l'étude de cancers.

Parmi les cellules utilisables aux sens de la présente invention, on peut citer les cellules bactériennes (Olins et Lee, 1993), mais aussi les cellules de levure
10 (Buckholz, 1993), de même que les cellules animales, en particulier les cultures de cellules de mammifères (Edwards et Aruffo, 1993), et notamment les cellules d'ovaire de hamster chinois (CHO). On peut citer également les cellules d'insectes dans lesquelles on peut utiliser des procédés mettant par exemple en œuvre des baculovirus (Luckow, 1993). Un hôte cellulaire préféré pour l'expression des
15 protéines de l'invention est constitué par les cellules COS.

Parmi les mammifères selon l'invention, on préfère des animaux tels que les rongeurs, en particulier les souris, les rats ou les lapins, exprimant un polypeptide selon l'invention.

Parmi les mammifères selon l'invention, on préfère également des animaux
20 tels que les souris, les rats ou les lapins, caractérisés en ce que le gène codant pour la protéine de séquence SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5, ou dont la séquence est codée par le gène homologue chez ces animaux, n'est pas fonctionnel, est invalidé ou présente au moins une mutation.

Ces animaux transgéniques sont obtenus par exemple par recombinaison
25 *homologue sur cellules souches embryonnaires, transfert de ces cellules souches à des embryons, sélection des chimères affectées au niveau des lignées reproductrices, et croissance desdites chimères.*

Les animaux transgéniques selon l'invention peuvent ainsi surexprimer le gène codant pour la protéine selon l'invention, ou leur gène homologue, ou
30 exprimer ledit gène dans lequel est introduite une mutation. Ces animaux transgéniques, en particulier des souris, sont obtenus par exemple par transfection de copie de ce gène sous contrôle d'un promoteur fort de nature ubiquitaire, ou sélectif d'un type de tissu, ou après transcription virale.

Alternativement, les animaux transgéniques selon l'invention peuvent être rendus déficients pour le gène codant pour l'un des polypeptides de séquences SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5, ou leurs gènes homologues, par inactivation à l'aide du système LOXP/CRE recombinaise (Rohlmann et al., 1996) ou de tout autre système d'inactivation de l'expression de ce gène.

Les cellules et mammifères selon l'invention sont utilisables dans une méthode de production d'un polypeptide selon l'invention, comme décrit ci-dessous, et peuvent également servir à titre de modèle d'analyse.

Les cellules ou mammifères transformés tels que décrits précédemment peuvent aussi être utilisés à titre de modèles afin d'étudier les interactions entre les polypeptides selon l'invention, et les composés chimiques ou protéiques, impliqués directement ou indirectement dans les activités des polypeptides selon l'invention, ceci afin d'étudier les différents mécanismes et interactions mis en jeu.

Ils peuvent en particulier être utilisés pour la sélection de produits interagissant avec les polypeptides selon l'invention, notamment la protéine de séquence SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5 ou leurs variants selon l'invention, à titre de cofacteur, ou d'inhibiteur, notamment compétitif, ou encore ayant une activité agoniste ou antagoniste de l'activité des polypeptides selon l'invention. De préférence, on utilise lesdites cellules transformées ou animaux transgéniques à titre de modèle notamment pour la sélection de produits permettant de lutter contre les pathologies liées à une expression anormale de ce gène.

L'invention concerne également l'utilisation d'une cellule, d'un mammifère ou d'un polypeptide selon l'invention pour le criblage de composés chimiques ou biochimiques pouvant interagir directement ou indirectement avec les polypeptides selon l'invention, et/ou capable de moduler l'expression ou l'activité de ces polypeptides.

De la même façon, l'invention concerne aussi un procédé de criblage de composés capables d'interagir *in vitro* ou *in vivo* avec un acide nucléique selon l'invention, en utilisant un acide nucléique une cellule ou un mammifère selon l'invention, et en détectant la formation d'un complexe entre les composés candidats et l'acide nucléique selon l'invention.

Les composés ainsi sélectionnés sont également objets de l'invention.

L'invention concerne aussi l'utilisation d'une séquence d'acide nucléique selon l'invention pour la synthèse de polypeptides recombinants.

La méthode de production d'un polypeptide de l'invention sous forme recombinante, elle-même comprise dans la présente invention, se caractérise en ce
5 que l'on cultive les cellules transformées, notamment les cellules ou mammifères de la présente invention, dans des conditions permettant l'expression d'un polypeptide recombinant codé par une séquence d'acide nucléique selon l'invention, et que l'on récupère ledit polypeptide recombinant.

Les polypeptides recombinants, caractérisés en ce qu'ils sont susceptibles
10 d'être obtenus par ladite méthode de production, font également partie de l'invention.

Les polypeptides recombinants obtenus comme indiqué ci-dessus, peuvent aussi bien se présenter sous forme glycosylée que non glycosylée et peuvent présenter ou non la structure tertiaire naturelle.

15 Les séquences des polypeptides recombinants peuvent être également modifiées afin d'améliorer leur solubilité, en particulier dans les solvants aqueux.

De telles modifications sont connues de l'homme du métier comme par exemple la délétion de domaines hydrophobes ou la substitution d'acides aminés hydrophobes par des acides aminés hydrophiles.

20 Ces polypeptides peuvent être produits à partir des séquences d'acide nucléique définies ci-dessus, selon les techniques de production de polypeptides recombinants connues de l'homme du métier. Dans ce cas, la séquence d'acide nucléique utilisée est placée sous le contrôle de signaux permettant son expression dans un hôte cellulaire.

25 Un système efficace de production d'un polypeptide recombinant nécessite de disposer d'un vecteur et d'une cellule hôte selon l'invention.

Ces cellules peuvent être obtenues par l'introduction dans des cellules hôtes d'une séquence nucléotidique insérée dans un vecteur tel que défini ci-dessus, puis la mise en culture desdites cellules dans des conditions permettant la réplique
30 et/ou l'expression de la séquence nucléotidique transfectée.

Les procédés utilisés pour la purification d'un polypeptide recombinant sont connus de l'homme du métier. Le polypeptide recombinant peut être purifié à partir de lysats et extraits cellulaires, du surnageant du milieu de culture, par des

méthodes utilisées individuellement ou en combinaison, telles que le fractionnement, les méthodes de chromatographie, les techniques d'immunoaffinité à l'aide d'anticorps monoclonaux ou polyclonaux spécifiques, etc...

Les polypeptides selon la présente invention peuvent aussi être obtenus par
5 synthèse chimique en utilisant l'une des nombreuses synthèses peptidiques connues, par exemple les techniques mettant en œuvre des phases solides (voir notamment Stewart et al., 1984) ou des techniques utilisant des phases solides partielles, par condensation de fragments ou par une synthèse en solution classique.

Les polypeptides obtenus par synthèse chimique et pouvant comporter des
10 acides aminés non naturels correspondants sont également compris dans l'invention.

Les anticorps mono- ou polyclonaux ou leurs fragments, anticorps chimériques ou immunoconjugués, caractérisés en ce qu'ils sont capables de reconnaître spécifiquement un polypeptide selon l'invention, font partie de l'invention.

15 Des anticorps polyclonaux spécifiques peuvent être obtenus à partir d'un sérum d'un animal immunisé contre les polypeptides selon l'invention, notamment produit par recombinaison génétique ou par synthèse peptidique, selon les modes opératoires usuels.

On note notamment l'intérêt d'anticorps reconnaissant de façon spécifique
20 certains polypeptides, variants, ou leurs fragments immunogènes, selon l'invention.

Les anticorps mono- ou polyclonaux ou leurs fragments, anticorps chimériques ou immunoconjugués, caractérisés en ce qu'ils sont capables de reconnaître spécifiquement les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5 sont particulièrement préférés.

25 Les anticorps monoclonaux spécifiques peuvent être obtenus selon la méthode classique de culture d'hybridomes décrite par Köhler et Milstein (1975).

Les anticorps selon l'invention sont, par exemple, des anticorps chimériques, des anticorps humanisés, des fragments Fab ou F(ab')₂. Ils peuvent également se présenter sous forme d'immunoconjugués ou d'anticorps marqués afin
30 d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

L'invention concerne également des méthodes pour la détection et/ou la purification d'un polypeptide selon l'invention, caractérisées en ce qu'elles mettent en œuvre un anticorps selon l'invention.

L'invention comprend en outre des polypeptides purifiés, caractérisés en ce qu'ils sont obtenus par une méthode selon l'invention.

Par ailleurs, outre leur utilisation pour la purification des polypeptides, les anticorps de l'invention, en particulier les anticorps monoclonaux, peuvent également être utilisés pour la détection de ces polypeptides dans un échantillon biologique.

Ils constituent ainsi un moyen d'analyse immunocytochimique ou immunohistochimique de l'expression des polypeptides selon l'invention, notamment les polypeptides de séquence SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 5 ou l'un de leurs variants, sur des coupes de tissus spécifiques, par exemple par immunofluorescence, marquage à l'or, immuno-conjugués enzymatiques.

Ils peuvent permettre notamment de mettre en évidence une expression anormale de ces polypeptides dans les tissus ou prélèvements biologiques.

Plus généralement, les anticorps de l'invention peuvent être avantageusement mis en œuvre dans toute situation où l'expression d'un polypeptide selon l'invention, normal ou muté, doit être observée.

Ainsi, un procédé de détection d'un polypeptide selon l'invention dans un échantillon biologique, comprenant les étapes de mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon l'invention et de mise en évidence du complexe antigène-anticorps formé est également un objet de l'invention, ainsi qu'une trousse permettant de mettre en œuvre un tel procédé. Une telle trousse contient en particulier :

- a) un anticorps monoclonal ou polyclonal selon l'invention ;
- b) éventuellement des réactifs pour la constitution d'un milieu propice à la réaction immunologique ;
- c) les réactifs permettant la détection du complexe antigène-anticorps produit lors de la réaction immunologique.

Les anticorps selon l'invention peuvent également être utilisés dans le traitement d'une maladie inflammatoire et/ou immune, ou d'un cancer, chez l'homme, lorsque l'on observe une expression anormale du gène IBD1 ou du gène IBD1prox. Une expression anormale signifie une surexpression ou l'expression d'une protéine mutée.

Ces anticorps peuvent être obtenus directement à partir de sérum humain, ou à partir d'animaux immunisés avec des polypeptides selon l'invention, puis « humanisés », et peuvent être utilisés tels quels ou dans la préparation d'un médicament destiné au traitement des maladies précitées.

5 Font également partie de l'invention, les méthodes de détermination d'une variabilité allélique, d'une mutation, d'une délétion, d'une perte d'hétérozygotie ou de toute anomalie génétique du gène selon l'invention, caractérisées en ce qu'elles mettent en oeuvre une séquence d'acide nucléique, un polypeptide ou un anticorps selon l'invention.

10 L'invention fournit en effet la séquence des gènes IBD1 et IBD1prox impliqués dans des maladies inflammatoires et/ou immunes, et en particulier les MICI. Un des enseignements de l'invention est de préciser les mutations dans ces séquences nucléiques ou polypeptidiques, qui sont liées à un phénotype correspondant à une des ces maladies inflammatoires et/ou immunes.

15 On peut détecter ces mutations directement par analyse de l'acide nucléique et des séquences selon l'invention (ADN génomique, ARN, ou ADNc), mais également par l'intermédiaire des polypeptides selon l'invention. En particulier, l'utilisation d'un anticorps selon l'invention qui reconnaît un épitope portant une mutation permet de discriminer entre une protéine « saine » et une protéine
20 « associée à une pathologie ».

Ainsi, l'étude du gène IBD1 dans diverses maladies inflammatoires et/ou immunes humaines montre ainsi qu'il existe des variants de séquence de ce gène dans la maladie de Crohn, la rectocolite hémorragique et le syndrome de Blau, comme démontré par les exemples. Ces variations de séquence aboutissent à des
25 variations importantes de la séquence protéique déduite. En effet, elles sont soit localisées sur des sites très conservés de la protéine dans des domaines fonctionnels importants, soit elles aboutissent à la synthèse d'une protéine tronquée. Il est donc extrêmement probable que ces altérations entraînent une modification de la fonction de la protéine et aient donc un effet causal dans la survenue de ces maladies.

30 La variété des maladies où sont observées ces mutations suggère que le gène IBD1 est potentiellement important dans de nombreuses maladies inflammatoires et/ou immunes. Ce résultat est à rapprocher du fait que la région péricentromérique du chromosome 16 a été décrite comme contenant des gènes de susceptibilité à

diverses maladies humaines telles que la spondylarthrite ankylosante ou le rhumatisme psoriasique. On peut donc considérer qu'IBD1 a un rôle important dans un grand nombre de maladies inflammatoires et/ou immunes.

En particulier, on peut associer IBD1 aux maladies inflammatoires
5 granulomateuses. En effet, le Syndrome de Blau et la MC sont des maladies faisant partie de cette famille. On espère donc trouver des variations dans le gène IBD1 pour les autres maladies de la même famille (sarcoïdose, maladie de Behçet...).

De plus, l'implication de IBD1 dans les voies cellulaires aboutissant à l'apoptose soulève la question de son éventuel rôle carcinogène. En effet, il est
10 attendu qu'une dysrégulation de IBD1 puisse aboutir à une prédisposition cancéreuse. Cette hypothèse est renforcée par le fait qu'il existe une prédisposition au cancer du colon dans les maladies inflammatoires de l'intestin. IBD1 pourrait en partie expliquer cette susceptibilité au cancer et définir de nouvelles voies de carcinogenèse.

La description précise des mutations observables dans le gène IBD1 permet
15 ainsi de poser les bases d'un diagnostic moléculaire des maladies inflammatoires et immunes où son rôle est démontré. Une telle démarche, basée sur la recherche de mutations dans le gène, permettra de contribuer au diagnostic de ces maladies et éventuellement de réduire l'importance de certains examens complémentaires
20 invasifs ou coûteux. L'invention pose les bases d'un tel diagnostic moléculaire basé sur la recherche de mutations dans IBD1.

Le diagnostic moléculaire des maladies inflammatoires devrait aussi permettre d'améliorer la classification nosologique de ces maladies et de mieux définir des sous-groupes de malades particuliers par leur caractéristiques cliniques,
25 l'évolutivité de la maladie ou la réponse à certains traitements. A titre d'exemple, le démembrement des mutations existantes pourrait ainsi permettre de classer les colites actuellement indéterminées qui représentent plus de 10% des maladies inflammatoires de l'intestin. Une telle démarche permettra de proposer une prise en charge précoce adaptée à chaque patient. D'une manière générale, une telle
30 démarche permet d'espérer pouvoir définir à terme une prise en charge individualisée de la maladie, en fonction du terrain génétique de chaque malade, incluant des mesures curatives et préventives.

En particulier, on préfère une méthode de diagnostic et/ou d'évaluation pronostique d'une maladie inflammatoire ou d'un cancer caractérisée en ce qu'on détermine à partir d'un prélèvement biologique d'un patient la présence d'au moins une mutation et/ou une altération d'expression du gène correspondant à SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4 par l'analyse de tout ou partie d'une séquence nucléique correspondant audit gène. On peut aussi étudier les gènes SEQ ID N° 3 ou SEQ ID N° 6.

Cette méthode de diagnostic et/ou d'évaluation pronostique peut être utilisée de façon préventive (étude d'une prédisposition à ces maladies inflammatoires ou au cancer), ou afin de servir à l'établissement et/ou la confirmation d'un état clinique chez un patient.

De préférence, la maladie inflammatoire est une maladie inflammatoire du tube digestif, et le cancer est un cancer du tube digestif (intestin grêle ou colon).

L'enseignement de l'invention permet en effet de connaître les mutations présentant un déséquilibre de liaison avec les maladies inflammatoires du tube digestif, et qui sont donc associées à de telles maladies.

L'analyse peut être effectuée par séquence de tout ou partie du gène, ou par d'autres méthodes connues de l'homme du métier. On peut en particulier utiliser des méthodes basées sur la PCR, par exemple la PCR-SSCP qui permet de détecter des mutations ponctuelles.

On peut également effectuer l'analyse par fixation d'une sonde selon l'invention correspondant à l'une des séquences SEQ ID N° 1, 3, 4 ou 6 sur une puce à ADN et l'hybridation sur ces microplaques. Une puce à ADN contenant une séquence selon l'invention est également un des objets de l'invention.

De même, une puce à protéines contenant une séquence d'acides aminés selon l'invention est aussi un objet de l'invention. Une telle puce à protéines permet l'étude des interactions entre les polypeptides selon l'invention et d'autres protéines ou des composés chimiques, et peut ainsi être utile pour le criblage de composés interagissant avec les polypeptides selon l'invention. On peut également utiliser les puces à protéines selon l'invention pour détecter la présence d'anticorps dirigés contre les polypeptides selon l'invention dans le sérum de patients. On peut aussi mettre en œuvre une puce à protéines contenant un anticorps selon l'invention.

L'homme du métier sait également mettre en œuvre des techniques permettant l'étude de l'altération de l'expression d'un gène, par exemple par l'étude de l'ARNm (en particulier par Northern Blot ou par des expériences de RT-PCR, avec des sondes ou des amorces selon l'invention), ou de la protéine exprimée, en particulier par Western Blot, en utilisant des anticorps selon l'invention.

Le gène testé est de préférence le gène de séquence SEQ ID N° 1, la maladie inflammatoire pour laquelle on cherche à prédire la susceptibilité étant une maladie du tube digestif, en particulier la maladie de Crohn, ou la rectocolite hémorragique. Si l'on cherche à détecter un cancer, il s'agit de préférence du cancer du colon.

L'invention se rapporte également à des procédés d'obtention d'un allèle du gène IBD1, associé à un phénotype détectable, comprenant les étapes suivantes :

- a) obtenir un échantillon d'acide nucléique d'un individu exprimant ledit phénotype détectable ;
- b) mettre en contact ledit échantillon d'acide nucléique avec un agent capable de détecter spécifiquement un acide nucléique codant pour la protéine IBD1 ;
- c) isoler ledit acide nucléique codant pour la protéine IBD1.

Un tel procédé peut être suivi d'une étape de séquence de tout ou partie de l'acide nucléique codant pour la protéine IBD1, ce qui permet de prédire la susceptibilité à une maladie inflammatoire ou d'un cancer.

L'agent capable de détecter spécifiquement un acide nucléique codant pour la protéine IBD1 est avantageusement une sonde d'oligonucléotides selon l'invention, qui peut être formée d'ADN, d'ARN, de PNA, modifiés ou non. Les modifications peuvent inclure un marquage radioactif ou fluorescent, ou être dues à des modifications dans les liaisons entre les bases (phosphorothioates, ou méthylphosphonates par exemple). L'homme du métier connaît les protocoles permettant d'isoler une séquence spécifique d'ADN. L'étape b) du procédé ci-dessus décrit peut également être une étape d'amplification telle que décrite précédemment.

L'invention se rapporte également à un procédé de détection et/ou de dosage d'un acide nucléique selon l'invention dans un échantillon biologique, comprenant les étapes suivantes de mise en contact d'une sonde selon l'invention avec un

échantillon biologique et de détection et/ou dosage de l'hybride formé entre ledit polynucléotide et l'acide nucléique de l'échantillon biologique.

L'homme du métier sait mettre en œuvre un tel procédé, et peut en particulier utiliser une trousse de réactifs comprenant :

- 5 a) un polynucléotide selon l'invention, utilisé en tant que sonde ;
- b) les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation entre ladite sonde et l'acide nucléique de l'échantillon biologique ;
- 10 c) les réactifs nécessaires à la détection et/ou le dosage de l'hybride formé entre ladite sonde et l'acide nucléique de l'échantillon biologique ;

qui est également un objet de l'invention.

Une telle trousse peut également contenir des contrôles positifs ou négatifs afin d'assurer la qualité des résultats obtenus.

- 15 Toutefois, afin de détecter et/ou doser un acide nucléique selon l'invention, l'homme du métier peut également effectuer une étape d'amplification à l'aide d'amorces choisies parmi les séquences selon l'invention.

- Enfin, l'invention concerne également les composés choisis parmi un acide nucléique, un polypeptide, un vecteur, une cellule, ou un anticorps selon
20 l'invention, ou les composés obtenus par les procédés de criblage selon l'invention, à titre de médicament, en particulier pour la prévention et/ou le traitement d'une maladie inflammatoire et/ou immune ou d'un cancer, associé à la présence d'au moins une mutation du gène correspondant à SEQ ID N° 1 ou SEQ ID N° 4, de préférence une maladie inflammatoire du tube digestif, en particulier la maladie de
25 Crohn ou la rectocolite hémorragique.

Les exemples qui suivent permettent de mieux comprendre les avantages de l'invention et ne doivent pas être considérés comme limitant la portée de l'invention.

DESCRIPTION DES FIGURES

- 30 Figure 1 : tests de liaison génétique non paramétrique pour la maladie de Crohn dans la région péricentromérique du chromosome 16 (d'après Hugot et al., 1996). Analyse de liaison multipoint basé sur l'identité par descendance pour les marqueurs de la région péricentromérique du chromosome 16. Les distances

génétiq ues entre marqueurs ont été estimées grâce au programme CRIMAP. Le lod score (MAPMAKER/SIBS) est indiqué sur la figure de gauche. Deux tests de pseudo vraisemblance ont été développés et rapportés sur la figure de droite. Le premier (Tz) est analogue au test des moyennes. Le deuxième (Tz2) est analogue au test de la proportion des paires d'affectés partageant deux allèles.

Figure 2 : analyse de liaison génétique multipoint non paramétrique. 78 familles avec plusieurs apparentés atteints de Maladie de Crohn ont été génotypées pour 26 marqueurs de polymorphisme dans la région péricentromérique du chromosome 16. La localisation de chaque marqueur est symbolisée par une flèche. L'ordre des marqueurs et la distance les séparant dérive de l'analyse des données expérimentales avec le logiciel Crimap. Les flèches sous la courbe indiquent les marqueurs SPN, D16S409 et D16S411 utilisés dans la première étude publiée (Hugot et al., 1996). Les flèches situées en haut de la figure correspondent aux marqueurs D16S3136, D16S541, D16S3117, D16S416 et D16S770 localisés au maximum du test de liaison génétique. Les données de typage ont été analysées à l'aide du programme d'analyse multipoint non paramétrique du logiciel Genehunter version 1.3. Le maximum du NPL Score est de 3,33 ($p=0,0004$).

Figure 3 : représentation schématique de la protéine codée par IBD1. La protéine codée par IBD1 est représentée horizontalement. Les différents domaines qui la composent sont indiqués sur la figure avec le numéro de référence des acides aminés correspondant au début et à la fin de chaque domaine. La protéine est constituée d'un domaine CARD, d'un domaine liant les nucléotides (NBD) et de motifs riches en leucines (LRR).

Figure 4 : représentation schématique de la protéine IBD1/NOD2 dans trois variants associés à MC.

A : Le produit de traduction déduit de la séquence d'ADNc du gène candidat IBD1 est identique à celui de NOD2 (Ogura et al., 2000). Le polypeptide contient 2 domaines CARD (CAspase Recruitment Domains), un domaine de liaison aux nucléotides (NBD) et 10 répétitions de 27 acides aminés, des motifs riches en leucine (LRR). La séquence consensus du site du motif A (boucle P) liant l'ATP/GTP du NBD est indiquée par un cercle noir. Les changements de séquences codés par les trois principaux variants associés à MC sont SNP 8 (R675W), SNP 12 (G881R) et SNP 13 (déplacement de cadre 980). Le déplacement de cadre change

un codon leucine en un codon proline à la position 980 qui est immédiatement suivi par un codon stop.

B : Variants faux sens rares de NOD2 chez 457 patients MC, 159 patients RCH et 103 individus non apparentés, non atteints. Les positions des variants faux sens
5 rares sont indiquées pour les trois groupes. L'échelle à gauche indique le nombre de chaque variant identifié dans les groupes faisant l'objet de recherche et celle à droite mesure la fréquence de la mutation. Les fréquences alléliques du polymorphisme V928I n'étaient pas significativement différentes(0,92 : 0,08) dans
10 Weinberg.

EXEMPLES

Exemple 1 : localisation fine de IBD1

La première étape vers l'identification du gène IBD1 a été de réduire la taille
15 de la région génétique d'intérêt, initialement centrée sur le marqueur D16S411 situé entre D16S409 et D16S419 (Hugot et al., 1996 et fig. 1). Un groupe de marqueurs proches (carte génétique à haute résolution) a été utilisé pour mieux préciser la région génétique et a permis de compléter les analyses de liaison génétique et de rechercher un déséquilibre de liaison génétique avec la maladie.

20 L'étude a porté sur 78 familles comportant au moins 2 apparentés atteints de MC, qui correspondaient à 119 paires d'affectés. Les familles comportant des malades atteints de RCH ont été exclues de l'étude.

Vingt-six marqueurs génétiques de polymorphisme de type microsatellites ont été étudiés. Ces marqueurs formaient ensemble une carte à haute résolution avec
25 une distance moyenne entre marqueurs de l'ordre de 1cM dans la région génétique d'intérêt. Les caractéristiques des marqueurs étudiés sont rapportés sur le tableau 1.

Tableau 1. Marqueurs polymorphes de type microsatellite utilisés pour la localisation fine de IBD1

Nom du marqueur de polymorphisme	Distance cumulée (cM)	Amorces PCR
D16S3120 (AFM326vc5)	0	SEQ ID N° 7 SEQ ID N° 8
D16S298 (AFMa189wg5)	2,9	SEQ ID N° 9 SEQ ID N° 10

D16S299	3,4	SEQ ID N° 11 SEQ ID N° 12
SPN	3,9	SEQ ID N° 13 SEQ ID N° 14
D16S383	4,3	SEQ ID N° 15 SEQ ID N° 16
D16S753 (GGAA3G05)	4,9	SEQ ID N° 17 SEQ ID N° 18
D16S3044 (AFMa222za9)	5,8	SEQ ID N° 19 SEQ ID N° 20
D16S409 (AFM161xa1)	5,8	SEQ ID N° 21 SEQ ID N° 22
D16S3105 (AFMb341zc5)	6,1	SEQ ID N° 23 SEQ ID N° 24
D16S261 (MFD24)	6,8	SEQ ID N° 25 SEQ ID N° 26
D16S540 (GATA7B02)	6,9	SEQ ID N° 27 SEQ ID N° 28
D16S3080 (AFMb068zb9)	7	SEQ ID N° 29 SEQ ID N° 30
D16S517 (AFMa132we9)	7	SEQ ID N° 31 SEQ ID N° 32
D16S411 (AFM186xa3)	8	SEQ ID N° 33 SEQ ID N° 34
D16S3035 (AFMa189wg5)	10,4	SEQ ID N° 35 SEQ ID N° 36
D16S3136 (AFMa061xe5)	10,4	SEQ ID N° 37 SEQ ID N° 38
D16S541 (GATA7E02)	11,4	SEQ ID N° 39 SEQ ID N° 40
D16S3117 (AFM288wb1)	11,5	SEQ ID N° 41 SEQ ID N° 42
D16S416 (AFM210yg3)	12,4	SEQ ID N° 43 SEQ ID N° 44
D16S770 (GGAA20G02)	13,2	SEQ ID N° 45 SEQ ID N° 46
D16S2623 (GATA81B12)	15	SEQ ID N° 47 SEQ ID N° 48
D16S390	16,5	SEQ ID N° 49 SEQ ID N° 50
D16S419 (AFM225zf2)	20,4	SEQ ID N° 51 SEQ ID N° 52
D16S771 (GGAA23C09)	21,8	SEQ ID N° 53 SEQ ID N° 54
D16S408 (AFM137xf8)	25,6	SEQ ID N° 55 SEQ ID N° 56
D16S508 (AFM304xf1)	38,4	SEQ ID N° 57 SEQ ID N° 58

Chaque marqueur est répertorié selon la nomenclature internationale et le plus souvent par le nom proposé par le laboratoire d'origine. Les marqueurs apparaissent selon leur ordre sur le chromosome (de 16p vers 16q). La distance génétique entre les marqueurs (en centiMorgan Kosambi, calculée par le programme Crimap à partir des données expérimentales) est indiquée dans la deuxième colonne. Le premier marqueur polymorphe est pris arbitrairement comme point de référence. Les oligonucléotides ayant servi à la réaction de polymérisation en chaîne (PCR) sont indiqués dans la troisième colonne.

Le génotypage de ces marqueurs microsatellites a reposé sur la technologie des séquenceurs automatiques utilisant des amorces fluorescentes. Brièvement, après amplification, les produits de réaction de polymérisation en chaîne (PCR) fluorescents ont été déposés sur un gel de polyacrylamide sur séquenceur automatique selon les recommandations du constructeur (Perkin Elmer). La taille des allèles pour chaque sujet a été déduite grâce au logiciels Genescan^R et Genotyper^R. Les données ont ensuite été conservées sur une base informatique intégrée contenant les données généalogiques, phénotypiques et génétiques. Elles ont alors été utilisées pour les analyses de liaison génétique.

Plusieurs contrôles qualité ont été réalisés tout au long de la procédure de génotypage:

- double lecture indépendante des données de génotypage,
- utilisation d'un ADN standard servant de contrôle interne pour chaque migration électrophorétique,
- contrôle de la gamme de taille de chaque allèle observé,
- recherche d'erreurs de transmission mendélienne ,
- calcul de la distance génétique entre marqueurs (programme CRIMAP) et comparaison de celle-ci avec les données de la littérature,
- nouveau typage des marqueurs pour lesquels il était observé une recombinaison entre marqueurs proches.

Les données de génotypage ont été analysées par des méthodes de liaison génétique multipoint non paramétrique (Programme GENEHUNTER version 1.3). L'informativité du système de marqueurs était supérieure à 80% pour la région étudiée. Le maximum du test (NPL= 3,33; P = 0,0004) a été obtenu pour les marqueurs D16S541, D16S3117, D16S770 et D16S416 (figure 2).

Les données de typage pour ces 26 marqueurs de polymorphisme ont aussi été analysées à la recherche d'un déséquilibre de transmission. Deux groupes de 108 et 76 familles avec un ou plusieurs malades atteints de MC ont été étudiés. Le test statistique de déséquilibre de transmission a été décrit par Spielman et al. (1993). Il n'a été pris en compte dans ce travail qu'un seul malade par famille et la valeur de p a été corrigée par le nombre d'allèles testés pour chaque marqueur étudié.

Un déséquilibre de transmission a été observé pour les allèles 4 et 5 (taille 205, resp. 207 paires de bases) du marqueur D16S3136 ($p=0,05$, resp. $p=0,01$).

Ces résultats suggestifs d'une association entre le marqueur D16S3136 et la MC ont conduit à construire une cartographie physique de la région génétique centrée sur D16S3136 et à établir la séquence d'un segment d'ADN génomique de grande taille (BAC) contenant ce site polymorphe. Il a alors été possible d'identifier et d'analyser un plus grand nombre de marqueurs de polymorphisme dans le voisinage de D16S3136 ainsi que de définir et d'étudier les séquences transcrites présentes dans la région.

Exemple 2 : cartographie physique de la région IBD1

Un contig de fragments d'ADN génomique, centré sur les marqueurs D16S3136, D16S3117, D16S770 et D16S416, a été généré à partir des banques d'ADN génomique humain de la fondation Jean Dausset/CEPH. Les segments d'ADN chromosomique ont été identifiés à partir de certains marqueurs de polymorphisme utilisés dans la cartographie génétique fine (D16S411, D16S416, D16S541, D16S770, D16S2623, D16S3035, D16S3117 et D16S3136). Pour chaque marqueur, une banque de chromosomes artificiels de bactéries (BAC) a été criblée par PCR à la recherche de clones contenant la séquence du marqueur. Selon que les séquences testées étaient ou non présentes sur les clones de BAC il a été alors possible d'organiser les clones entre eux à l'aide du logiciel Segmap version 3.35.

On a pu établir, pour les BACs, une organisation continue (contig) couvrant la région génétique d'intérêt, selon une méthode connue de l'homme du métier (Rouquier et al., 1994 ; Kim et al., 1996 ; Asakawa et al., 1997). Pour ce faire, les extrémités des BACs identifiés ont été séquencées et ces nouvelles données de séquence ont alors servi à cribler itérativement les banques de BACs. A chaque criblage, le contig de BAC a alors progressé d'un pas jusqu'à l'obtention d'un

continuum de clones chevauchants. La taille de chaque BAC participant au contig a été déduite de son profil de migration sur gel d'agarose en champ pulsé.

On a ainsi construit un contig de BAC contenant 101 BACs et s'étendant sur une distance globale de plus de 2,5 Mb avec une redondance moyenne de 5,5 BAC
5 à chaque point du contig. La taille moyenne des BAC est de 136kb.

Exemple 3 : séquençage du BAC hb87b10

Le BAC de ce contig contenant le marqueur de polymorphisme D16S3136 (appelé hb87b10), dont la taille était de 163761 bp a été séquençé selon la méthode dite du "coup de fusil". En bref, l'ADN du BAC a été fragmenté par sonication. Les
10 fragments d'ADN ainsi générés ont été soumis à une électrophorèse en gel d'agarose et ceux dont la taille était supérieure à 1,5 kb ont été élus pour être analysés. Ces fragments ont ensuite été clonés dans le phage m13 lui même introduit dans des bactéries rendues compétentes par électroporation. Après culture, l'ADN des clones
15 a été récupéré et séquençé par des méthodes de séquençage automatique à l'aide d'amorces fluorescentes du vecteur m13 sur séquenceur automatique.

1526 séquences différentes d'une taille moyenne de 600 bp ont été générées, qui ont été organisées entre elles grâce au logiciel Polyphredphrap^R aboutissant à un contig de séquence couvrant l'ensemble du BAC. La séquence ainsi générée avait
20 une redondance moyenne de 5,5 équivalents génomiques. Les rares (n=5) intervalles de séquence non représentés dans la banque de clones m13 ont été comblés en générant des amorces de PCR spécifiques, de part et d'autre de ces intervalles, et en analysant le produit de PCR dérivé de l'ADN génomique d'un sujet sain.

25 Des homologues de séquence avec des séquences disponibles dans les bases de données génétiques publiques (Genbank) ont été recherchées. Aucun gène connu n'a pu être identifié dans cet intervalle de 163 kb. Plusieurs EST ont été positionnés suggérant que des gènes inconnus étaient contenus dans cette séquence. Ces EST issus des bases de données génétiques publiques (Genbank, GDB, Unigene, dbEST)
30 portaient les références suivantes : AI167910, AI011720, Rn24957, Mm30219, hs132289, AA236306, hs87296, AA055131, hs151708, AA417809, AA417810, hs61309, hs116424, HUMGS01037, AA835524, hs105242, SHGC17274, hs146128, hs122983, hs87280 et hs135201. La recherche d'exons putatifs à l'aide

du programme informatique GRAIL a permis d'identifier plusieurs exons potentiels, sites de polyadénylation et séquences promotrices.

Exemple 4 : études de déséquilibre de transmission

- 5 12 marqueurs de polymorphisme bialléliques (SNP) ont été identifiés dans une région s'étendant sur environ 250 kb et centrée sur le BAC hb87b10. Ces polymorphismes ont été générés par analyse de la séquence d'une dizaine de malades indépendants atteints de MC. Le séquençage a été le plus souvent réalisé au niveau d'EST connus et positionnés sur le BAC ou à son voisinage. Des exons
- 10 putatifs, prédits par le programme informatique GRAIL ont aussi été analysés. Les caractéristiques des marqueurs polymorphes ainsi identifiés sont rapportées sur le tableau 2.

15 Tableau 2. Caractéristiques de marqueurs de polymorphisme bialléliques étudiés dans la région de IBD1

I	II	III	IV	V	VI
1	KIAA0849ex9	PCR-AS		SEQ ID N° 88 à 90	116
2	hb27G11F	PCR-RFLP	<i>BsrI</i>	SEQ ID N° 86, 87	185 116 69
3	Ctg22Ex1	PCR-RFLP	<i>RsaI</i>	SEQ ID N° 84, 85	381 313 69
4	SNP1	PCR-AS		SEQ ID N° 81 à 83	410
5	ctg2931-3ac/ola	LO		SEQ ID N° 78 à 80	51 49
6	ctg2931-5ag/ola	LO		SEQ ID N° 75 à 77	44 42
7	SNP3-2931	PCR-AS		SEQ ID N° 72 à 74	245
8	Ctg25Ex1	PCR-RFLP	<i>BstEII</i>	SEQ ID N° 70, 71	207 122 85

9	CTG35 ExA	PCR-AS		SEQ ID N° 67 à 69	333
10	ctg35 ExC	PCR-AS		SEQ ID N° 64 à 66	198
11	D16S3136			SEQ ID N° 37, 38	
12	hb133D1f	PCR-RFLP	<i>TaqI</i>	- SEQ ID N° 62, 63	369 295 74
13	D16S3035			SEQ ID N°35, 36	
14	ADCY7 int7	PCR-AS		SEQ ID N° 59 à 61	140

PCR-AS : PCR-allèle spécifique ; LO : Ligature d'oligonucléotides

Les 12 marqueurs de polymorphisme bialléliques nouvellement décrits dans ce travail sont répertoriés dans ce tableau. Pour chacun d'eux sont indiqués :

- 5 - le locus (colonne I)
- le nom (colonne II)
- la technique de génotypage utilisée (colonne III)
- l'enzyme de restriction éventuellement utilisée (colonne IV)
- 10 - les amorces oligonucléotidiques utilisées pour la réaction de polymérisation en chaîne ou pour la ligature (colonne V)
- la taille des produits attendus lors du typage (colonne VI)

199 familles comportant 1 ou plusieurs malades atteints de MC ont été typées pour ces 12 marqueurs de polymorphisme ainsi que pour les marqueurs D16S3035 et D16S3136 localisés sur le BAC hb87b10. Les familles comportant des
15 malades atteints de RCH n'ont pas été prises en compte. Les méthodes de typage des polymorphismes étudiés ont été variables en fonction du type de polymorphisme faisant appel à :

- 20 - la technique de PCR-RFLP (amplification suivie de digestion enzymatique du produit de PCR) quand le polymorphisme était situé sur un site de restriction enzymatique.
- PCR avec amorces spécifiques du site polymorphe : amplification différentielle des deux allèles en utilisant des amorces spécifiques de chaque allèle.

- Test de ligation d'oligonucléotides : ligation différentielle utilisant des oligonucléotides spécifiques de chaque allèle, suivie d'électrophorèse en gel de polyacrylamide.

Les données de typage ont ensuite été analysées selon un test de déséquilibre
5 de transmission (programme informatique TDT du logiciel GENEHUNTER version
2). Pour les familles comportant plusieurs apparentés atteints, un seul malade a été
pris en compte pour l'analyse. En effet, la prise en compte de plusieurs malades
apparentés pose le problème de non indépendance des données dans les calculs
statistiques et peut induire une inflation de la valeur du test. Le malade servant à
10 l'analyse a été tiré au sort au sein de chaque famille par une procédure automatique
de randomisation. Compte tenu de cette randomisation, la valeur du test statistique
obtenu ne représentait qu'un seul échantillon possible issu du groupe de familles
étudiées. Afin de ne pas limiter l'analyse à ce seul échantillon possible et pour
mieux appréhender la robustesse des résultats obtenus, pour chaque test, une
15 centaine d'échantillons aléatoires ont ainsi été générés et analysés.

Les marqueurs ont été étudiés séparément puis groupés selon leur ordre sur
le segment chromosomique (KIAA0849ex9 (locus 1), hb27G11F (locus 2),
Ctg22Ex1 (locus 3), SNP1 (locus 4), ctg2931-3ac/ola (locus 5), ctg2931-5ag/ola
(locus 6), SNP3-2931 (locus 7), Ctg25Ex1 (locus 8), CTG35ExA (locus 9),
20 ctg35ExC (locus 10), d16s3136 (locus 11), hb133D1f (locus 12), D16S3035 (locus
13), ADCY7int7 (locus 14)) (tableau 2). Les haplotypes comportant 2, 3 et 4
marqueurs consécutifs ont ainsi été analysés en utilisant toujours la même stratégie
(100 échantillons aléatoires en prenant pour chaque famille un seul individu atteint).

Pour chaque échantillon testé, il n'a été pris en compte que les génotypes (ou
25 haplotypes) portés par au moins 10 chromosomes parentaux. En moyenne 250 tests
différents ont ainsi été réalisés pour chaque échantillon. Il a alors été possible de
déduire le nombre de tests attendus positifs pour chaque seuil de signification et de
comparer cette distribution à la distribution observée. Pour les sujets sains, la
distribution des tests n'est pas différente de celle attendue selon le hasard ($\chi^2 = 2,85$,
30 ddl=4, p=0,58). Pour les sujets malades, au contraire, il existe un excès de tests
positifs témoignant de l'existence d'un déséquilibre de transmission dans la région
étudiée.

Les résultats des tests de déséquilibre de transmission pour chaque marqueur de polymorphisme pris isolément et pour les haplotypes montrant les plus forts déséquilibres de transmission ont montré que les marqueurs suivants sont en déséquilibre de liaison avec la maladie: Ctg22Ex1 (locus 3), SNP1 (locus 4),
5 ctg2931-5ag/ola (locus 6), SNP3-2931 (locus 7), Ctg25Ex1 (locus 8) et ctg35ExC (locus 10). Ces marqueurs s'étendent sur une région d'environ 50kb (positions 74736 à 124285 sur la séquence de hb87b10).

Les haplotypes les plus fortement associés avec la maladie de Crohn s'étendent eux aussi sur cette région. Ainsi, pour la majorité des échantillons
10 aléatoires, le test de transmission était positif ($p < 0,01$) pour des haplotypes combinant les marqueurs suivants :

- locus 5-6, locus 6-7, locus 7-8, locus 8-9, locus 9-10, locus10-11
- locus 5-6-7, locus 6-7-8, locus 7-8-9, locus 8-9-10, locus 9-10-11
- locus 5-6-7-8; locus 6-7-8-9, locus 7-8-9-10,

15 L'haplotype de susceptibilité le plus à risque est défini par les locus 7 à 10. Il s'agit de l'haplotype 1-2-1-2 (tableau 2).

Les marqueurs testés sont, comme attendu, le plus souvent en déséquilibre de liaison entre eux.

Plus récemment, un nouveau test, le Pedigree Disequilibrium Test (PDT),
20 publié en juillet 2000 (Martin et al., 2000) a été utilisé pour mieux appréhender la signification des résultats obtenus avec le programme informatique TDT. Cette nouvelle statistique permet en effet d'utiliser l'ensemble de l'information disponible dans une famille, tant à partir des sujets malades qu'à partir des sujets sains et de pondérer l'importance de chaque apparenté en une statistique globale pour chaque
25 famille. Les valeurs de p correspondant aux tests PDT et obtenues pour un groupe élargi de 235 familles avec un ou plusieurs apparentés atteints de la maladie de Crohn sont rapportées dans le Tableau 3. Cette nouvelle analyse confirme que la région du BAC hb87b10 est bien associée avec la maladie de Crohn.

Tableau 3. Résultat des tests PDT réalisés sur 235 familles atteintes de la maladie de Crohn (NS : non significatif)

LOCUS	VALEUR p DU TEST PDT
KIAA0849ex9	NS
hb27g11f	0,05
ctg22ex1	0,01
SNP1	0,001
ctg2931-3ac/ola	NS
ctg2931-5ag/ola	0,0001
SNP3-2931	0,0001
ctg25ex1	0,0006
ctg35exA	NS
ctg35exC	0,00002
D16S3136	NS
hb133d1f	NS
D16S3035	NS

Exemple 5 : Identification du gène IBD1

- 5 Les groupements d'EST (références Unigene : Hs 135201, Hs87280, Hs122983, Hs146128, Hs105242, Hs116424, Hs61309, Hs151708, Hs 87296 et Hs132289) publiés et présents sur le BAC hb87b10 ont été étudiés à la recherche d'une séquence d'ADN complémentaire (ADNc) plus complète. Pour IBD1prox, les clones disponibles dans les banques publiques ont été séquencés et les séquences
- 10 organisées entre elles. Pour IBD1, une banque d'ADN complémentaire de sang périphérique (Stratagene human blood cDNA lambda zapexpress ref 938202) a été criblée par les produits de PCR générés à partir des EST connus selon les modalités proposées par le fabricant. La séquence des ADNc ainsi identifiés a ensuite servi à un nouveau criblage de la banque d'ADNc et ainsi de suite jusqu'à l'obtention de
- 15 l'ADNc présenté.

L'EST hs135201 (UniGene) a permis d'identifier un ADNc ne figurant pas sur les bases de données génétiques disponibles (Genbank) Il correspond donc à un nouveau gène humain. La comparaison de la séquence du cDNA et de l'ADN génomique a montré que ce gène est constitué de 11 exons et 10 introns. Un exon

supplémentaire, en position 5' par rapport au cDNA identifié est prédit par l'analyse de la séquence avec le logiciel Grail. Ces exons sont très homologues avec les premiers exons du gène CARD4/NOD1. Considérant l'ensemble des exons identifiées et l'exon putatif supplémentaire, ce nouveau gène apparaît avoir une

5 structure génomique très proche de celle de CARD4/NOD1. Par ailleurs, en amont du premier exon putatif figure un site d'initiation de la transcription. Pour l'ensemble de ces raisons, l'exon putatif a été considéré comme participant à ce nouveau gène. L'ADNc reporté en annexe (SEQ ID N° 1) comporte donc l'ensemble de la séquence identifiée plus la séquence prédite par la modélisation informatique,

10 l'ADN complémentaire débutant arbitrairement au premier codon ATG de la séquence codante prédite. Sur cette base, le gène comporterait donc 12 exons et 11 introns. La structure intron-exon du gène est rapportée sur la SEQ ID N° 3.

La séquence protéique déduite de la séquence nucléotidique, comporte 1041 acides aminés (SEQ ID N° 2). Cette séquence n'a pas non plus été retrouvée sur les

15 bases de données biologiques (Genpept, pir, swissprot).

Or, plus récemment, l'exon putatif ci-dessus décrit n'a pas pu être confirmé. Le gène IBD1 ne comporte donc effectivement que 11 exons et 10 introns et code pour une protéine de 1013 acides aminés (c'est-à-dire 28 acides aminés de moins que déterminé initialement).

20 L'étude de la séquence protéique déduite montre que ce gène contient trois domaines fonctionnels différents (figure 3) :

- Un domaine CARD (Caspase Recruitment Domain) connu pour être impliqué dans l'interaction entre protéines régulatrices de l'apoptose et de l'activation de la voie NFkappa B. Le domaine CARD permet de
- 25 classer cette nouvelle protéine dans la famille des protéines CARD dont les membres les plus anciens sont CED 4, APAF1 et RICK.
- Un domaine NBD (Nucléotide Binding Domaine) comportant un site de reconnaissance de l'ATP et un site de liaison du Magnésium. La protéine doit donc avoir une activité kinase très probable.
- 30 - Un domaine LRR (Leucine Rich Domain) supposé participer à l'interaction entre protéines par analogie avec d'autres domaines protéiques décrits.

Par ailleurs, le domaine LRR de la protéine permet d'affilier la protéine à une famille de protéines impliquées dans la signalisation intracellulaire et présentes tant chez les plantes que chez les animaux.

La comparaison de ce nouveau gène avec les gènes précédemment identifiés et disponibles dans les bases de données publiques montre que celui-ci est très homologue avec CARD4/NOD1 (Bertin et al., 1999 ; Inohara et al., 1999). Cette homologie porte sur la séquence de l'ADN complémentaire, la structure intron-exon du gène et la séquence protéique. L'identité de séquence des 2 ADN complémentaires est de 58%. Une similitude est également observée au niveau de la structure introns-exons. L'homologie de séquence au niveau protéique est de l'ordre de 40%.

La similitude entre ce nouveau gène et CARD4/NOD1 suggère que, comme CARD4/NOD1, la protéine IBD1 est impliquée dans la régulation de l'apoptose et de l'activation de NF-kappa B (Bertin et al., 1999 ; Inohara et al., 1999). La régulation de l'apoptose cellulaire et l'activation de NF-kappa B sont des voies de signalisation intracellulaire essentielles dans les réactions immunitaires. En effet, ces voies de transduction du signal sont les voies effectrices des protéines de la famille du récepteur du TNF (Tumor Necrosis Factor) impliquées dans les interactions cellule-cellule et la réponse cellulaire aux différents médiateurs de l'inflammation (cytokines). Le nouveau gène apparaît donc comme potentiellement important à la réaction inflammatoire, de façon générale.

Plusieurs faisceaux de preuves viennent à l'appui de la dérégulation de NF-kB induit par des bactéries dans la maladie de Crohn. Tout d'abord, la susceptibilité à IBD spontanée chez les souris a été associée à des mutations dans Tlr4, une molécule connue pour se lier aux LPS par l'intermédiaire de son domaine LRR (Poltorak et al., 1998 et Sundberg et al., 1994) et pour être un membre des activateurs de la famille de NF-kB. Deuxièmement, la thérapie antibiotique cause une amélioration provisoire chez les patients atteints de MC accréditant l'hypothèse que les bactéries entériques peuvent jouer un rôle étiologique dans la maladie de Crohn (McKay, 1999). Troisièmement, NF-kB joue un rôle pivot dans les maladies inflammatoires de l'intestin et est activé dans les cellules mononucléées de la lamina propria dans la maladie de Crohn (Schreiber et al., 1998). Quatrièmement, le traitement de la maladie de Crohn est basée sur l'utilisation de la sulfasalazine et

des glucocorticoïdes, tous deux connus comme étant des inhibiteurs de NF- κ B (Auphan et al., 1995 et Wahl et al., 1998)

Encore plus récemment, il a été montré que le gène candidat IBD1 code pour une protéine très similaire à NOD2, un membre de la superfamille CED4/APAF1 (Ogura et al., 2000). Les séquences nucléotidiques et protéiques de IBD1 et NOD2 ne divergent en réalité que pour une petite portion toute initiale des 2 séquences rapportées. Les expressions tissulaires de Nod2 et IBD1 sont de plus superposables. Ces deux gènes (protéines) peuvent donc être considéré(e)s comme identiques. Il a été démontré que le domaine LRR de Nod2 a une activité de liaison pour les lipopolysaccharides bactériens (LPS) (Inohara et al., 2000) et que sa délétion stimule la voie de NF κ B. Ce résultat confirme les données de l'invention.

L'expression tissulaire de IBD1 a été ensuite étudiée par la technique du Northern Blot. Un transcrit de 4.5 kb est visible dans la plupart des tissus humains. La taille du transcrit est conforme avec la taille prédite par l'ADNc. Le transcrit de 4.5 kb semble en très faible abondance dans l'intestin grêle et le colon. Il est par contre très fortement exprimé dans les globules blancs. Ceci est en accord avec des données cliniques sur les transplantations qui suggèrent que la maladie de Crohn est potentiellement une maladie liée aux cellules immunitaires circulantes. En effet, la transplantation intestinale n'empêche pas la récurrence sur le greffon dans la maladie de Crohn tandis que la transplantation de moelle osseuse semble avoir un effet bénéfique sur l'évolution de la maladie.

Certaines données font également penser à un épissage alternatif, qui pourrait s'avérer un élément important dans la possibilité de générer des mutants qui pourraient jouer un rôle dans le développement de maladies inflammatoires.

Le promoteur du gène IBD1 n'est actuellement pas identifié avec précision. Il est cependant raisonnable de penser, par analogie avec un très grand nombre de gènes que celui-ci réside, au moins pour partie, immédiatement en amont du gène, dans la portion 5' de celui-ci. Cette région génétique contient des séquences transcrites comme en témoigne la présence d'EST (HUMGS01037, AA835524, hs.105242, SHGC17274, hs.146128, hs.122983, hs.87280). Les clones ATCC contenant ces séquences ont été séquencés et analysés dans le laboratoire, permettant de mettre en évidence une organisation en exons et en introns avec d'éventuels épissages alternatifs. Ces données suggèrent l'existence d'un autre gène

(nommé IBD1prox en raison de sa proximité d'IBD1). La séquence partielle de l'ADN complémentaire de IBD1prox est rapportée (SEQ ID N° 4) de même que sa structure intron-exon sur la SEQ ID N° 6.

La traduction des ADNc correspondant à IBD1prox aboutit à une protéine contenant une homéobox. L'analyse de plusieurs ADNc du gène suggère cependant l'existence d'épissages alternatifs. IBD1prox, selon un des épissages alternatifs possibles correspond à l'EST anonyme HUMGS01037 dont l'ARN est exprimé de manière plus importante dans les lignées leucocytaires différenciées que dans les lignées non différenciées.

Ainsi, il est possible que ce gène puisse avoir un rôle dans l'inflammation et la différenciation cellulaire. Il peut donc lui aussi être considéré comme un bon candidat pour la susceptibilité aux MICI. L'association entre MC et le polymorphisme ctg35 ExC localisé sur la séquence codante de IBD1prox renforce cette hypothèse même si ce polymorphisme n'entraîne pas de variation de séquence au niveau protéique.

Enfin, plus récemment, l'existence d'une liaison génétique dans les familles atteintes de la maladie de Crohn et ne comportant pas de mutation du gène IBD1 suggère elle aussi que IBD1 prox a un rôle additionnel à IBD1 dans la prédisposition génétique à la maladie.

La relation fonctionnelle entre IBD1 et IBD1prox n'est actuellement pas établie. Toutefois, la forte proximité entre les deux gènes pourrait refléter une interaction entre ceux-ci. Dans ce cas, la localisation « tête -bêche » de ces gènes suggère qu'ils puissent avoir des modes de régulation communs ou interdépendants.

Exemple 6 : identifications de mutations du gène IBD1 dans les maladies inflammatoires

Afin de confirmer le rôle de IBD1 dans les maladies inflammatoires, la séquence codante et les jonctions intron-exon du gène ont été séquencées de l'exon 2 à l'exon 12 inclus chez 70 sujets indépendants, à savoir : 50 malades atteints de MC, 10 malades atteints de RCH, 1 malade atteint de syndrome de Blau et 9 témoins sains. Les malades étudiés étaient pour la plupart des formes familiales de la maladie et étaient souvent porteurs de l'haplotype de susceptibilité défini par les

études de déséquilibre de transmission. Les témoins sains étaient d'origine caucasienne.

24 variants de séquence ont ainsi pu être identifiés sur ce groupe de 70 personnes non apparentées (tableau 3).

- 5 La nomenclature des mutations rapportées fait référence à la séquence initiale de la protéine comportant 1041 acides aminés. La nomenclature plus récemment proposée est aisément déduite en retirant 28 acides aminés à la séquence initiale, et correspond donc à une protéine comprenant 1013 acides aminés (cf exemple 5).

10

Tableau 4. Mutations observées dans le gène IBD1

Exon	Variant nucléotidique	Variant protéique	Maladie de Crohn	Rectocolite hémorragique	Témoins sains
1	non testé				
2	G417A	silencieux			
2	C537G	silencieux			
3	aucun				
4	T805C	S269P	48/100	6/20	3/18
4	A869G	N290S	0	0	1/18
4	C905T	A302V	1/100	0	0
4	C1283T	P428L	1/100	0	0
4	C1284A	silencieux			
4	C1287T	silencieux			
4	T1380C	silencieux			
4	T1764G	silencieux			
4	G1837A	A613T	1/100	0	0
4	C2107T	R703W	10/10	1/20	1/18
4	C2110T	R704C	4/10	1/20	0
5	G2365A	R792Q	1/100	0	0
5	G2370A	V794M	0	1/20	0
5	G2530A	E844K	1/10	0	0
6	A2558G	N853S	1/100	0	0
6	A2590G	M864V	1/100	0	0
7	aucun				
8	G2725C	G909R	7/100	0	0
8	C2756A	A919D	1/100	0	0
9	G2866A	V956I	2/100	1/20	3/18
10	C2928T	silencieux			
11	3022insC	stop	20/100	0	0

12	aucun				
----	-------	--	--	--	--

Les mutations autres que silencieuses observées dans chaque exon sont rapportées. Elles sont indiquées par la variation de la chaîne peptidique. Pour chaque mutation et pour chaque phénotype étudié, il est indiqué le nombre de fois où la mutation est observé, rapporté au nombre de chromosomes testés.

5 Aucun variant de séquence fonctionnel n'a été identifié dans les exons 1 à 3 (correspondants au domaine CARD de la protéine). Les exons 7 et 12 n'ont pas non plus montré de variation de séquence. Certains variants correspondaient à des polymorphismes déjà identifiés et typés pour les études de déséquilibre de transmission, à savoir :

- 10 -Snp3-2931 : variant nucléotidique T805C, variant protéique S269P
 -ctg2931-5ag/ola : variant nucléotidique T1380C (silencieux)
 -ctg2931-3ac/ola : variant nucléotidique T1764G (silencieux)
 -SNP1 : variant nucléotidique C2107T, variant protéique R703W

15 Plusieurs variations de séquence étaient silencieuses (G417A, C537G, C1284A, C1287T, T1380C, T1764G, C2928T) et n'entraînaient pas de modification de la séquence protéique. Elles n'ont pas été étudiées davantage ici.

20 Pour les 16 variations de séquence non silencieuses, il a été observé des variants de séquence protéique chez 43/50 MC contre 5/9 témoins sains et 6/10 RCH. L'existence d'une ou plusieurs variation(s) de séquence apparaissait associée au phénotype MC. Il existait souvent plusieurs variations de séquence chez un même individu atteint de MC suggérant un effet parfois récessif du gène pour la MC. A l'inverse, aucun homozygote ou hétérozygote composite n'était observé parmi les patients atteints de RCH ou parmi les témoins sains.

25 Certains variants non silencieux étaient présents à la fois chez les malades atteints de RCH ou de MC et chez les sujets sains. Il s'agissait des variants S269P, N290S, R703W et V956I situés dans les exons 2, 4 et 9. Un complément d'information semble donc nécessaire avant de retenir un éventuel rôle fonctionnel à ces variants de séquence.

30 V956I est une variation de séquence conservative (acides aminés aliphatiques).

Le variant de séquence S269P correspond à une variation de classe d'acide aminé (hydroxylé en immunoacide) au début du domaine liant les nucléotides. Il en

déséquilibre de transmission avec la MC. Il s'agit en effet du polymorphisme Snp3 (Cf. supra).

R703W aboutit à une modification de la classe de l'acide aminé (aromatique au lieu de basique). Cette modification survient dans la région intermédiaire entre les domaines NBD et LRR, région conservée entre IBD1 et CARD4/NOD1. Un rôle fonctionnel peut donc être suspecté pour ce polymorphisme. Cette variation de séquence (correspondant au site polymorphe Snp1) est plus souvent transmise aux malades atteints de MC que ne le veut le hasard (Cf. supra) confirmant que ce polymorphisme est associé à la MC. Il est possible que la présence de ce mutant chez les sujets sains témoigne d'une pénétrance incomplète de la mutation comme cela est attendu pour les maladies génétiques complexes telles que les maladies inflammatoires chroniques de l'intestin.

Le variant R704C, situé immédiatement à côté de R703W a pu être identifié à la fois dans la MC et dans la RCH. Il correspond lui aussi à une variation non conservative de la protéine (acide aminé soufre au lieu de basique) sur la même région protéique, suggérant un effet fonctionnel aussi important pour R704C que pour R703W.

D'autres variations de séquence sont spécifiques de la MC de la RCH ou du syndrome de Blau.

Certaines variations de séquence sont au contraire rares, présentes chez un ou quelques malades (A613T, R704C, E844K, N853S, M864V, A919D). Il s'agit toujours de variations entraînant des modifications non conservatives de la protéine dans des domaines leucine riches, à des positions importantes au sein de ces domaines. Ces différents éléments suggèrent que ces variations ont un rôle fonctionnel.

Deux variations de séquence (G909R, L1008P*) sont retrouvées chez un assez grand nombre de maladies de Crohn (respectivement 7/50 et 16/50) alors qu'elles ne sont pas détectées chez les témoins ou chez les malades atteints de RCH.

La délétion/insertion d'une guanosine au niveau du codon 1008 aboutit à une transformation de la troisième leucine de l'hélice alpha du dernier LRR en proline suivie d'un codon STOP (L1008P*). Cette variation de séquence entraîne donc une modification importante de la protéine : réduction de taille de la protéine (protéine possédant un domaine LRR tronqué) et altération d'un acide aminé très conservé

(Leucine). Cette modification de séquence est associée à la MC comme en témoigne une étude de déséquilibre de transmission dans 16 familles porteuses de la mutation (P=0,008).

La mutation G909R survient sur le dernier acide aminé du sixième motif LRR. Il remplace un acide aminé aliphatique en acide aminé basique. Cette variation est potentiellement importante compte tenu du caractère habituellement neutre ou polaire des acides aminés en position terminale des motifs leucine riche (tant pour IBD1 que pour NOD1/CARD4) et du caractère conservé de cet acide aminé sur les protéines IBD1 et NOD1/CARD4.

Dans le syndrome de Blau, les malades (n=2) de la famille étudiée étaient porteurs d'une variation de séquence spécifique (L470F), localisée dans l'exon 4 et correspondant au domaine NBD de la protéine. Dans cette série, ce variant de séquence était spécifique du syndrome de Blau.

Dans la RCH, plusieurs variants de séquence non retrouvés chez les sujets sains ont aussi été identifiés. La proportion de malades porteurs d'une mutation était plus modeste que pour la MC, comme attendu compte tenu de la liaison moins fortement établie entre IBD1 et RCH et du caractère supposé moins génétique de cette dernière maladie. Des variations de séquence étaient communes à la MC et à la RCH (R703W, R704C). D'autres au contraire apparaissaient spécifiques de la RCH (V794M). Cette observation permet de confirmer que MC et RCH sont des maladies partageant au moins en partie la même prédisposition génétique. Elle pose les bases d'une classification nosologique des MICI.

L'étude des variants de séquence du gène IBD1 a donc permis d'identifier plusieurs variants ayant un effet fonctionnel très probable (ex : protéine tronquée) et associés à la maladie de Crohn, à la RCH et au syndrome de Blau.

Le promoteur du gène n'est actuellement pas déterminé. Selon toute vraisemblance cependant, celui-ci est probablement situé dans la région 5' en amont du gène. Selon cette hypothèse, les variants de séquence observés dans cette région peuvent avoir un effet fonctionnel. Ceci pourrait expliquer la très forte association entre MC et certains locus polymorphes tels que ctg35 ExC ou Ctg25Ex1.

L'invention fournit ainsi la première description de mutations dans la famille des gènes contenant un domaine CARD chez l'homme. La fréquence de ces mutations dans des maladies inflammatoires variées montre que le gène IBD1 a un

rôle essentiel dans le processus inflammatoire normal et pathologique. Cette invention fournit de nouvelles voies de compréhension et de recherche dans le domaine de la physiopathologie des processus inflammatoires normaux et pathologiques. Elle permet de ce fait d'envisager le développement de nouvelles
5 molécules pharmaceutiques régulant les voies effectrices contrôlées par IBD1 et utiles dans le traitement des maladies inflammatoires et la régulation du processus inflammatoire en général.

10 Exemple 7 : bases d'un diagnostic biologique de susceptibilité à la maladie de Crohn

Plus récemment, 457 patients indépendants atteints de la maladie de Crohn, 159 patients indépendants atteints de rectocolite hémorragique et 103 témoins sains ont été étudiés à la recherche de mutations. Ce travail a permis de confirmer les mutations précédemment rapportées et d'identifier des mutations supplémentaires
15 rapportées sur la figure 4. Les mutations principales ont ensuite été génotypées dans 235 familles atteintes de la maladie de Crohn. Ce travail plus récent est exposé en utilisant comme référence la séquence protéique plus courte (1013 acides aminés, voir exemple 5) mais la nomenclature antérieure des mutations est aisément déduite à partir de cette dernière en ajoutant 28 au chiffre indiquant la position des acides
20 aminés.

Parmi les 5 mutations les plus fréquences, la mutation conservative V928I (anciennement V956I) n'est pas significativement associée à l'une ou l'autre des maladies inflammatoires de l'intestin et ne semble donc pas avoir de rôle important dans la maladie.

25 La mutation S241P (anciennement S269P) est en déséquilibre de liaison avec les autres mutations principales et ne semble pas jouer par elle-même un rôle important dans la susceptibilité aux maladies inflammatoires de l'intestin (données non montrées).

A l'inverse, les 3 autres mutations R675W (anciennement R703W), G881R
30 (anciennement G909R) et 980fs (anciennement L1008P*) sont significativement associées à la maladie de Crohn mais pas à la rectocolite hémorragique (cf infra). La localisation dans le LRR ou à sa proximité immédiate des 3 mutations fréquentes plaide très fortement pour un mécanisme fonctionnel impliquant ce domaine

protéique, probablement par un défaut de régulation négative de NFkB par la protéine mutée. Les autres mutations sont plus rares (figure 4). Ces mutations cumulées sont présentes chez 17% des sujets atteints de la maladie de Crohn contre respectivement 4 % et 5 % les sujets sains ou atteints de rectocolite hémorragique.

- 5 Un grand nombre des mutations rares sont aussi localisées dans le LRR.

Les études intrafamiliales des trois polymorphismes les plus fréquents dans la maladie de Crohn montrent qu'ils sont tous trois associés à la maladie (tableau 5). Comme attendu, pour une mutation supposée très délétère, le polymorphisme le plus fortement associé est la mutation tronquante. Ces trois polymorphismes sont
 10 associés de manière indépendante à la maladie de Crohn puisqu'il n'a pas été possible d'identifier sur 235 familles des chromosomes porteurs de plus d'une de ces trois mutations. Le caractère indépendant de ces associations renforce considérablement l'hypothèse que le gène IBD1 est bien impliqué dans la prédisposition génétique à la maladie de Crohn.

15

Tableau 5 : étude des 3 polymorphismes fréquents de IBD1 dans 235 familles atteintes de la maladie de Crohn

MUTATION	VALEUR p DU TEST PDT
R675W	0,001
G881R	0,003
980fs	0,000006

Les études de cas-témoin confirment cette association (tableau 6). Ils
 20 montrent que les mutations les plus fréquentes dans la maladie de Crohn ne sont pas fréquentes dans la rectocolite hémorragique.

Tableau 6 : étude de cas-témoin des 3 polymorphismes fréquents de IBD1 dans les maladies inflammatoires de l'intestin

MUTATION	NB DE CHROMOSOMES ETUDIÉS	FREQUENCE DE L'ALLELE A RISQUE R675W	FREQUENCE DE L'ALLELE A RISQUE G881R	FREQUENCE DE L'ALLELE A RISQUE 980fs	TOTAL ALLELES A RISQUE
Témoins sains	206	0,04	0,01	0,02	0,07
Rectocolite H.	318	0,03	0,00	0,01	0,05

M Crohn	936	0,11	0,06	0,12	0,29
---------	-----	------	------	------	------

L'étude de l'effet dose de ces mutations montre que les sujets porteurs d'une mutation à l'état homozygote ou hétérozygote composite présentent un bien plu grand risque de développer la maladie que les sujets non porteurs ou hétérozygotes

5 pour ces mutations (tableau 7).

Tableau 7 : risque relatif et absolu de la maladie de Crohn attribuable en fonction du génotype de IBD1

Dans la population générale, un risque de la maladie de Crohn de 0,001 a été pris comme référence et les mutations ont été supposées en équilibre de Hardy-Weinberg.

10

DISTRIBUTION	GENOTYPE			
	AUCUN VARIANT	SIMPLE HETEROZYGOTE	HOMOZYGOTE	HETEROZYGOTE COMPOSITE
Sains	88	15	0	0
Rectocolite H	145	13	1	0
M Crohn	267	133	28	40
Risque attribuable de MC :				
Risque relatif	1	3	38	44
Risque absolu	0,0007	0,002	0,03	0,03

Les travaux cités ci-dessus confirment les données préliminaires antérieures et apportent les bases détaillées d'un diagnostic biologique de la maladie de Crohn par l'étude des variants de IBD1. En effet, ce travail :

15

- 1) définit les mutations dont la fréquence est supérieure à 0,001 dans une population caucasienne mélangée,
 - 2) définit la fréquence des mutations observées et permet de définir 3 mutations principales associées à la maladie de Crohn. Ainsi, il est possible, grâce à ce travail, de définir une stratégie d'étude du gène pour la recherche de variants morbides à savoir : premièrement typage des 3 mutations principales, deuxièmement recherche de mutations dans les 7 derniers exons, troisièmement recherche d'autres variants de séquence.
- 20

- 5 3) définit les modalités pratiques de recherche de ces mutations en signalant leur position et leur nature. En effet, il est ensuite aisé à l'homme du métier de mettre au point des méthodes de typage et de séquençage selon son expertise personnelle. On peut citer en particulier la possibilité de faire les génotypages des 3 mutations principales par PCR suivie de digestion enzymatique et électrophorèse, étude des profils de migration par dHPLC, DGGE ou SSCP, oligoligation, microséquençage, etc.
- 10 4) démontre l'indépendance des mutations les plus fréquentes qui ne sont pas observées sur le même chromosome dans cette population étendue et variée. Cette information permet de classer de façon fiable les sujets en hétérozygotes composites (ayant deux mutations) comme porteur à une double dose de variations intragéniques.
- 15 5) démontre que la plus grande proportion des mutations n'entraîne qu'un effet nul ou minime sur le risque de rectocolite hémorragique. Ce résultat permet d'envisager d'aider le clinicien dans le diagnostic différentiel entre ces deux maladies. En effet, dans environ 10 % des cas, les maladies inflammatoires de l'intestin restent inclassées malgré les examens biologiques, radiologiques et endoscopiques.
- 20 6) définit un risque relatif et absolu de la maladie pour les génotypes les plus fréquents. Ce résultat pose les bases d'un diagnostic prédictif potentiellement utile dans une démarche de suivi ou d'intervention préventive dans les populations à risque, en particulier, les apparentés de malades.
- 25 7) démontre l'existence d'un effet dose pour le gène IBD1 et confirme le caractère en partie récessif de la prédisposition génétique à la maladie de Crohn. Il permet donc de poser les bases d'un conseil génétique et d'un diagnostic préclinique intrafamilial.

30 Notons enfin qu'une mutation supplémentaire du domaine NBD a été isolée dans une deuxième famille porteuse d'un syndrome de Blau. La rareté des deux événements dans 2 familles différentes suffit à confirmer l'implication de ce gène dans le syndrome de Blau et dans les maladies granulomateuses en générale.

L'ensemble de ces données apporte un outil diagnostique directement applicable et utile au praticien dans sa pratique quotidienne.

* * * * *

5

Le gène IBD1prox, situé dans la région promotrice de IBD1, et dont la séquence partielle est dévoilée dans la présente invention, peut lui aussi avoir un rôle important dans la régulation de l'apoptose cellulaire et du processus inflammatoire, comme suggéré par son expression différentielle dans les cellules

10 matures du système immunitaire. La forte association rapportée dans ce travail entre le marqueur de polymorphisme ctg35ExC (situé dans la région transcrite du gène) et la maladie de Crohn, plaide aussi très fortement en faveur de cette hypothèse.

Les maladies inflammatoires de l'intestin sont des maladies génétiques complexes pour lesquelles, à ce jour, aucun gène de susceptibilité n'avait été

15 identifié avec certitude. L'invention a permis de l'identification du premier gène de susceptibilité à la maladie de Crohn, par une démarche de clonage positionnel (ou génétique reverse). Il s'agit là de la première localisation génétique obtenue par une telle approche pour une maladie génétique complexe, ce qui démontre son utilité et sa faisabilité, au moins dans certains cas dans les maladies génétiques complexes.

20

La présente invention concerne aussi un acide nucléique purifié ou isolé caractérisé en ce qu'il code pour un polypeptide possédant un fragment continu d'au moins 200 acides aminés d'une protéine choisie parmi SEQ ID N° 2 et SEQ ID N° 5.

Références

- Auphan et al. (1995) *Science* 270, 286-90.
- Asakawa et al. (1997), *Gene*, 191, 69
- 5 Becker et al. (1998), *Proc Natl Acad Sci USA*, 95, 9979
- Bertin et al. (1999), *J Biol Chem*, 274, 12955
- Buckholz, (1993), *Curr. Op. Biotechnology* 4, 538.
- Carter, (1993) *Curr. Op. Biotechnology* 3, 533.
- Cho et al. (1998), *Proc Natl Acad Sci USA*, 95, 7502.
- 10 Duck et al. (1990), *Biotechniques*, 9, 142.
- Edwards et Aruffo (1993), *Curr. Op. Biotechnology*, 4, 558.
- Epstein (1992) *Médecine/Sciences*, 8, 902.
- Guatelli et al. (1990), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87: 1874.
- Hugot et al. (1996), *Nature*, 379, 821.
- 15 Inohara et al. (1999) *J Biol Chem*, 274, 14560.
- Inohara et al. (2000) *J. Biol. Chem.*
- Kievitis et al. (1991), *J. Virol. Methods*, 35, 273.
- Kim et al., (1996) *Genomics*, 34, 213.
- Köhler et Milstein. (1975) *Nature* 256, 495.
- 20 Kwoh, et al. (1989), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 86, 1173.
- Landegren et al. (1988) *Science* 241, 1077.
- Lander et Kruglyak (1995) *Nat Genet*, 11, 241.
- Luckow (1993), *Curr. Op. Biotechnology* 4, 564.
- Martin et al. (2000), *Am. J. Hum. Genet.* 67 : 146-54.
- 25 Matthews et al. (1988), *Anal. Biochem.*, 169, 1-25.
- McKay (1999) *Gastroenterol.* 13, 509-516.
- Miele et al. (1983), *J. Mol. Biol.*, 171, 281.
- Neddleman et Wunsch (1970) *J. Mol. Biol.* 48 : 443
- Ogura et al. (2000), *J. Biol. Chem.*
- 30 Olins et Lee (1993), *Curr. Op. Biotechnology* 4 : 520.
- Perricaudet et al. (1992). *La Recherche* 23 : 471.
- Pearson et Lipman (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 : 2444
- Poltorak et al. (1998) *Sciences* 282, 2085-8.

- Rioux et al. (1998) *Gastroenterology*, 115: 1062.
- Rohlmann et al. (1996) *Nature Biotech.* 14 : 1562.
- Rolfs, A. et al. (1991), Berlin : Springer-Verlag.
- Rouquier et al. (1994), *Anal Biochem* 217, 205.
- 5 Sambrook et al. (1989) *Molecular cloning : a laboratory manual*. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Lab., Cold Spring Harbor, New York.
- Satsangi et al. (1996), *Nat Genet*, 14 : 199.
- Schreiber et al. (1998) *Gut* 42, 477-84.
- Segev, (1992), Kessler C. Springer Verlag, Berlin, New-York, 197-205.
- 10 Smith et Waterman (1981) *Ad. App. Math.* 2 : 482
- Stewart et Yound (1984), *Solid phase peptides synthesis*, Pierce Chem. Company, Rockford, 111, 2ème éd., (1984).
- Spielman et al. (1993) *Am J Hum Genet*, 52, 506.
- Sundberg et al. (-1994) *Gastroenterology* 107, 1726-35.
- 15 Temin, (1986) *Retrovirus vectors for gene transfer*. In Kucherlapati R., ed. *Gene Transfer*, New York, Plenum Press, 149-187.
- Tromp et al. (1996) *Am J Hum Genet*, 59 : 1097.
- Wahl et al. (1998) *B. J. Clin. Invest.* > 101, 1163-74.
- Walker (1992), *Nucleic Acids Res.* 20 : 1691.

Revendications

1. Acide nucléique purifié ou isolé, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléique choisie dans le groupe de séquences suivantes :

- 5 a) SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4 et SEQ ID N° 6 ;
- b) la séquence d'un fragment d'au moins 15 nucléotides consécutifs d'une séquence choisie parmi SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4 ou SEQ ID N° 6 ;
- 10 c) une séquence nucléique présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, après alignement optimal avec une séquence définie en a) ou b) ;
- d) une séquence nucléique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléique définie en a) ou b) ;
- 15 e) la séquence complémentaire ou la séquence d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b), c) ou d).

2. Acide nucléique purifié ou isolé selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il comprend ou est constitué d'une séquence choisie parmi SEQ ID N° 1 et SEQ ID N° 4, la séquence complémentaire ou la séquence d'ARN correspondant à une de ces séquences.

3. Acide nucléique purifié ou isolé caractérisé en ce qu'il code pour un polypeptide possédant un fragment continu d'au moins 200 acides aminés d'une protéine choisie parmi SEQ ID N° 2 et SEQ ID N° 5.

25

4. Polypeptide isolé caractérisé en ce qu'il comprend un polypeptide choisi parmi :

- a) un polypeptide correspondant à SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5 ;
- 30 b) un polypeptide variant d'un polypeptide de séquence définie en a) ;
- c) un polypeptide homologue à un polypeptide défini en a) ou b), comportant au moins 80 % d'homologie avec ledit polypeptide de a) ;

- d) un fragment d'au moins 15 acides aminés consécutifs d'un polypeptide défini en a), b) ou c) ;
- e) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide défini en a), b) ou c).

5

5. Polypeptide selon la revendication 4, caractérisé en ce qu'il est constitué d'une séquence choisie parmi SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 5 ou une séquence possédant au moins 80 % d'homologie avec l'une de ces séquences après alignement optimal.

10

6. Vecteur de clonage et/ou d'expression comprenant un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 ou codant pour un polypeptide selon l'une des revendications 4 et 5.

15

7. Cellule hôte caractérisée en ce qu'elle est transformée par un vecteur selon la revendication 6.

20

8. Animal, excepté l'homme, caractérisé en ce qu'il comprend une cellule selon la revendication 7.

9. Utilisation d'une séquence d'acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 en tant que sonde ou amorce, pour la détection et/ou l'amplification de séquences d'acide nucléique.

25

10. Utilisation *in vitro* d'un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 comme oligonucléotide sens ou antisens.

11. Utilisation d'une séquence d'acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 pour la production d'un polypeptide recombinant.

30

12. Procédé d'obtention d'un polypeptide recombinant caractérisé en ce que l'on cultive une cellule selon la revendication 7 dans des conditions permettant l'expression dudit polypeptide et que l'on récupère ledit polypeptide recombinant.

13. Polypeptide recombinant caractérisé en ce qu'il est obtenu par un procédé selon la revendication 12.

5 14. Anticorps monoclonal ou polyclonal caractérisé en ce qu'il lie sélectivement un polypeptide selon l'une des revendications 4, 5 ou 13.

15. Procédé de détection d'un polypeptide selon l'une des revendications 4, 5 ou 13, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

- 10 a) mise en contact d'un échantillon biologique avec un anticorps selon la revendication 14 ;
 b) mise en évidence du complexe antigène-anticorps formé.

15 16. Trousse de réactifs pour la mise en œuvre d'un procédé selon la revendication 15, caractérisée en ce qu'elle comprend :

- a) un anticorps monoclonal ou polyclonal selon la revendication 14 ;
 b) éventuellement des réactifs pour la constitution d'un milieu propice à la réaction immunologique ;
20 c) les réactifs permettant la détection du complexe antigène-anticorps produit lors de la réaction immunologique.

25 17. Méthode de diagnostic et/ou d'évaluation pronostique d'une maladie inflammatoire et/ou immune ou d'un cancer caractérisée en ce qu'on détermine à partir d'un prélèvement biologique d'un patient la présence d'au moins une mutation et/ou une altération d'expression du gène correspondant à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4 ou SEQ ID N° 6 par l'analyse de tout ou partie d'une séquence nucléique correspondant audit gène.

30 18. Puce à ADN caractérisée en ce qu'elle contient une séquence nucléique selon l'une des revendications 1 à 3.

19. Puce à protéines caractérisée en ce qu'elle contient un polypeptide selon l'une des revendications 4, 5 ou 13, ou un anticorps selon la revendication 14.

20. Procédé de détection et/ou de dosage d'un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

- a) mise en contact d'un polynucléotide selon l'une des revendications 1 à 3, marqué ;
- b) détection et/ou dosage de l'hybride formé entre ledit polynucléotide et l'acide nucléique de l'échantillon biologique.

21. Procédé de détection et/ou de dosage d'un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comprend une étape d'amplification des acides nucléiques dudit échantillon biologique à l'aide d'amorces choisies parmi les acides nucléiques selon l'une des revendications 1 à 2.

22. Procédé de criblage de composés capables de se fixer à un polypeptide de séquence SEQ ID N° 2 ou SEQ ID N° 5, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes de mise en contact d'un polypeptide selon l'une des revendications 4, 5 ou 13, d'une cellule selon la revendication 7, ou d'un mammifère selon la revendication 8, avec un composé candidat et de détection de la formation d'un complexe entre ledit composé candidat et ledit polypeptide.

23. Procédé de criblage de composés capables d'interagir *in vitro* ou *in vivo* avec un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes de mise en contact d'un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3, d'une cellule selon la revendication 7, ou d'un mammifère selon la revendication 8, avec un composé candidat et de détection de la formation d'un complexe entre ledit composé candidat et ledit acide nucléique

24. Composé caractérisé en ce qu'il est choisi parmi

- a) un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3 ;

- b) un polypeptide selon l'une des revendications 4, 5 ou 13 ;
- c) un vecteur selon la revendication 6 ;
- d) une cellule selon la revendication 7 ; et
- e) un anticorps selon la revendication 14 ;

5 à titre de médicament.

25. Composé selon la revendication 24, pour la prévention et/ou le traitement d'une maladie inflammatoire et/ou immune ou d'un cancer associé à la présence d'au moins une mutation du gène correspondant à SEQ ID N° 1 ou SEQ

10 ID N° 4.

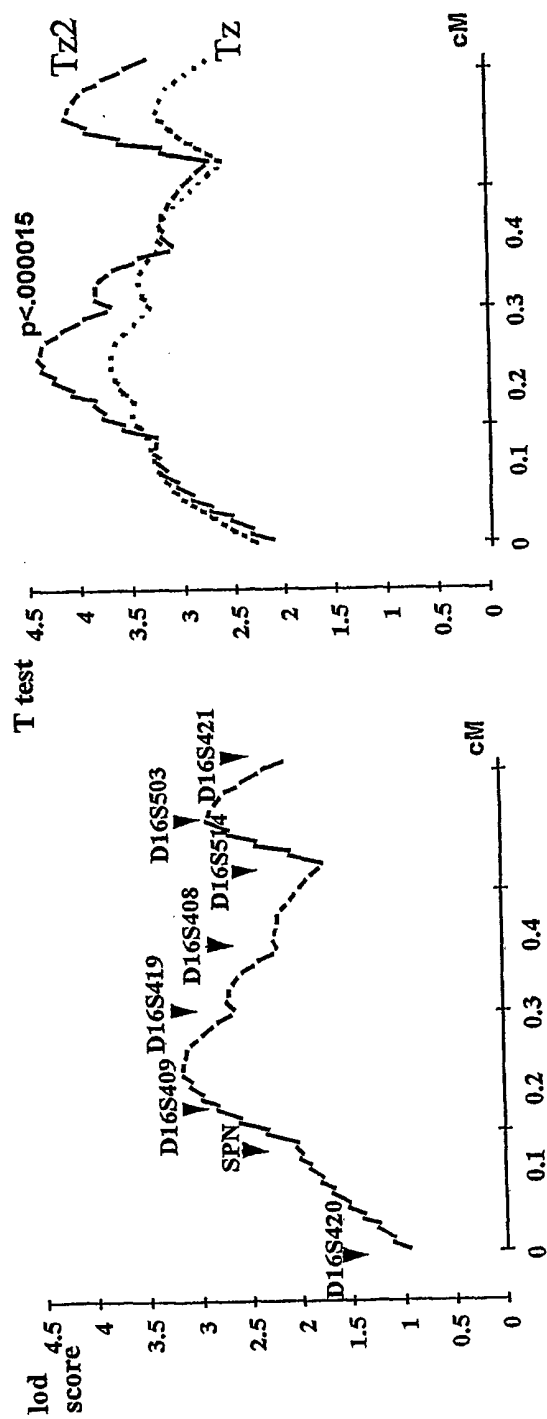


FIG.1

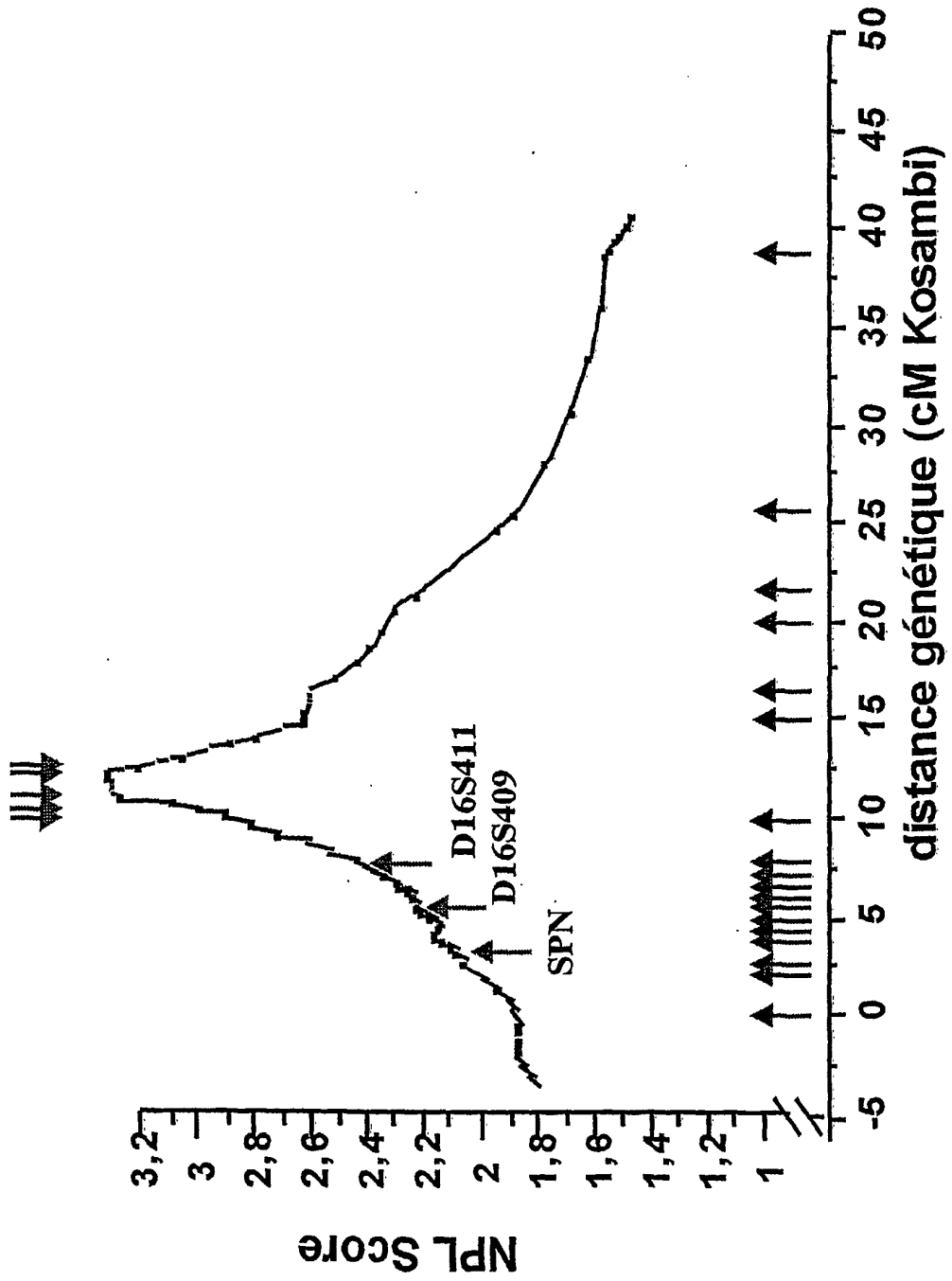


FIG.2

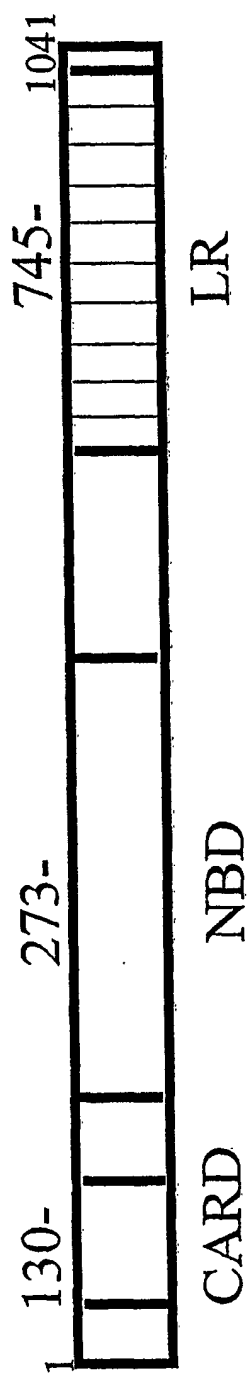


FIG.3

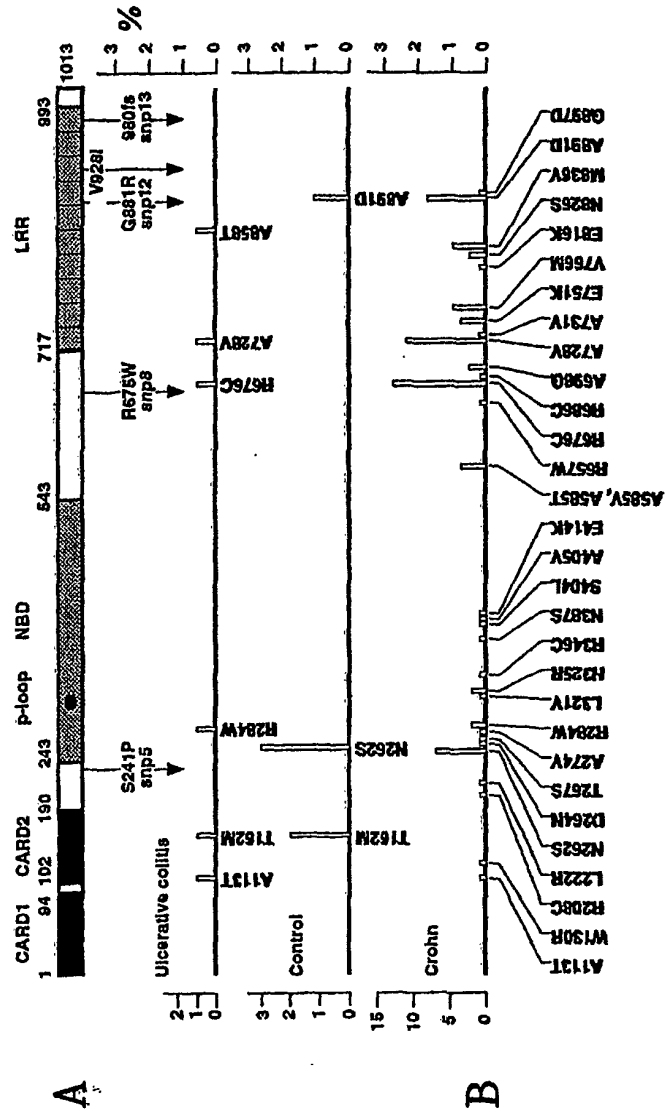


FIG. 4

LISTE DE SÉQUENCES

<110> Fondation Jean Dausset - CEPH

<120> Gènes impliqués dans les maladies inflammatoires de l'intestin et leur utilisation

<130> D18702

<160> 90

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 4322

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(3123)

<400> 1

```

atg gag aag aga agg ggt cta acc att gag tgc tgg ggc ccc caa agt   48
Met Glu Lys Arg Arg Gly Leu Thr Ile Glu Cys Trp Gly Pro Gln Ser
  1             5             10             15

ccc tca ctg acc ttg ttc tcc tcc cca ggt tgt gaa atg tgc tcg cag   96
Pro Ser Leu Thr Leu Phe Ser Ser Pro Gly Cys Glu Met Cys Ser Gln
          20             25             30

gag gct ttt cag gca cag agg agc cag ctg gtc gag ctg ctg gtc tca   144
Glu Ala Phe Gln Ala Gln Arg Ser Gln Leu Val Glu Leu Leu Val Ser
      35             40             45

ggg tcc ctg gaa ggc ttc gag agt gtc ctg gac tgg ctg ctg tcc tgg   192
Gly Ser Leu Glu Gly Phe Glu Ser Val Leu Asp Trp Leu Leu Ser Trp
  50             55             60

gag gtc ctc tcc tgg gag gac tac gag ggc ttc cac ctc ctg ggc cag   240
Glu Val Leu Ser Trp Glu Asp Tyr Glu Gly Phe His Leu Leu Gly Gln
  65             70             75             80

cct ctc tcc cac ttg gcc agg cgc ctt ctg gac acc gtc tgg aat aag   288
Pro Leu Ser His Leu Ala Arg Arg Leu Leu Asp Thr Val Trp Asn Lys
          85             90             95

ggg act tgg gcc tgt cag aag ctc atc gcg gct gcc caa gaa gcc cag   336
Gly Thr Trp Ala Cys Gln Lys Leu Ile Ala Ala Ala Gln Glu Ala Gln
      100             105             110

gcc gac agc cag tcc ccc aag ctg cat ggc tgc tgg gac ccc cac tcg   384
Ala Asp Ser Gln Ser Pro Lys Leu His Gly Cys Trp Asp Pro His Ser
      115             120             125

ctc cac cca gcc cga gac ctg cag agt cac cgg cca gcc att gtc agg   432
Leu His Pro Ala Arg Asp Leu Gln Ser His Arg Pro Ala Ile Val Arg
      130             135             140

agg ctc cac agc cat gtg gag aac atg ctg gac ctg gca tgg gag cgg   480
Arg Leu His Ser His Val Glu Asn Met Leu Asp Leu Ala Trp Glu Arg

```

145	150	155	160	
ggt ttc gtc agc cag tat gaa tgt gat gaa atc agg ttg ccg atc ttc Gly Phe Val Ser Gln Tyr Glu Cys Asp Glu Ile Arg Leu Pro Ile Phe 165 170 175				528
aca ccg tcc cag agg gca aga agg ctg ctt gat ctt gcc acg gtg aaa Thr Pro Ser Gln Arg Ala Arg Arg Leu Leu Asp Leu Ala Thr Val Lys 180 185 190				576
gcg aat gga ttg gct gcc ttc ctt cta caa cat gtt cag gaa tta cca Ala Asn Gly Leu Ala Ala Phe Leu Leu Gln His Val Gln Glu Leu Pro 195 200 205				624
gtc cca ttg gcc ctg cct ttg gaa gct gcc aca tgc aag aag tat atg Val Pro Leu Ala Leu Pro Leu Glu Ala Ala Thr Cys Lys Lys Tyr Met 210 215 220				672
gcc aag ctg agg acc acg gtg tct gct cag tct cgc ttc ctc agt acc Ala Lys Leu Arg Thr Thr Val Ser Ala Gln Ser Arg Phe Leu Ser Thr 225 230 235 240				720
tat gat gga gca gag acg ctc tgc ctg gag gac ata tac aca gag aat Tyr Asp Gly Ala Glu Thr Leu Cys Leu Glu Asp Ile Tyr Thr Glu Asn 245 250 255				768
gtc ctg gag gtc tgg gca gat gtg ggc atg gct gga tcc ccg cag aag Val Leu Glu Val Trp Ala Asp Val Gly Met Ala Gly Ser Pro Gln Lys 260 265 270				816
agc cca gcc acc ctg ggc ctg gag gag ctc ttc agc acc cct ggc cac Ser Pro Ala Thr Leu Gly Leu Glu Glu Leu Phe Ser Thr Pro Gly His 275 280 285				864
ctc aat gac gat gcg gac act gtg ctg gtg gtg ggt gag gcg ggc agt Leu Asn Asp Asp Ala Asp Thr Val Leu Val Val Gly Glu Ala Gly Ser 290 295 300				912
ggc aag agc acg ctc ctg cag cgg ctg cac ttg ctg tgg gct gca ggg Gly Lys Ser Thr Leu Leu Gln Arg Leu His Leu Leu Trp Ala Ala Gly 305 310 315 320				960
caa gac ttc cag gaa ttt ctc ttt gtc ttc cca ttc agc tgc cgg cag Gln Asp Phe Gln Glu Phe Leu Phe Val Phe Pro Phe Ser Cys Arg Gln 325 330 335				1008
ctg cag tgc atg gcc aaa cca ctc tct gtg cgg act cta ctc ttt gag Leu Gln Cys Met Ala Lys Pro Leu Ser Val Arg Thr Leu Leu Phe Glu 340 345 350				1056
cac tgc tgt tgg cct gat gtt ggt caa gaa gac atc ttc cag tta ctc His Cys Cys Trp Pro Asp Val Gly Gln Glu Asp Ile Phe Gln Leu Leu 355 360 365				1104
ctt gac cac cct gac cgt gtc ctg tta acc ttt gat ggc ttt gac gag Leu Asp His Pro Asp Arg Val Leu Leu Thr Phe Asp Gly Phe Asp Glu 370 375 380				1152
ttc aag ttc agg ttc acg gat cgt gaa cgc cac tgc tcc ccg acc gac Phe Lys Phe Arg Phe Thr Asp Arg Glu Arg His Cys Ser Pro Thr Asp 385 390 395 400				1200

ccc acc tct gtc cag acc ctg ctc ttc aac ctt ctg cag ggc aac ctg	1248
Pro Thr Ser Val Gln Thr Leu Leu Phe Asn Leu Leu Gln Gly Asn Leu	
405 410 415	
ctg aag aat gcc cgc aag gtg gtg acc agc cgt ccg gcc gct gtg tcg	1296
Leu Lys Asn Ala Arg Lys Val Val Thr Ser Arg Pro Ala Ala Val Ser	
420 425 430	
gcg ttc ctc agg aag tac atc cgc acc gag ttc aac ctc aag ggc ttc	1344
Ala Phe Leu Arg Lys Tyr Ile Arg Thr Glu Phe Asn Leu Lys Gly Phe	
435 440 445	
tct gaa cag ggc atc gag ctg tac ctg agg aag cgt cat cat gag ccc	1392
Ser Glu Gln Gly Ile Glu Leu Tyr Leu Arg Lys Arg His His Glu Pro	
450 455 460	
ggg gtg gcg gac cgc ctc atc cgc ctg ctc caa gag acc tca gcc ctg	1440
Gly Val Ala Asp Arg Leu Ile Arg Leu Leu Gln Glu Thr Ser Ala Leu	
465 470 475 480	
cac ggt ttg tgc cac ctg cct gtc ttc tca tgg atg gtg tcc aaa tgc	1488
His Gly Leu Cys His Leu Pro Val Phe Ser Trp Met Val Ser Lys Cys	
485 490 495	
cac cag gaa ctg ttg ctg cag gag ggg ggg tcc cca aag acc act aca	1536
His Gln Glu Leu Leu Leu Gln Glu Gly Gly Ser Pro Lys Thr Thr Thr	
500 505 510	
gat atg tac ctg ctg att ctg cag cat ttt ctg ctg cat gcc acc ccc	1584
Asp Met Tyr Leu Leu Ile Leu Gln His Phe Leu Leu His Ala Thr Pro	
515 520 525	
cca gac tca gct tcc caa ggt ctg gga ccc agt ctt ctt cgg ggc cgc	1632
Pro Asp Ser Ala Ser Gln Gly Leu Gly Pro Ser Leu Leu Arg Gly Arg	
530 535 540	
ctc ccc acc ctc ctg cac ctg ggc aga ctg gct ctg tgg ggc ctg ggc	1680
Leu Pro Thr Leu Leu His Leu Gly Arg Leu Ala Leu Trp Gly Leu Gly	
545 550 555 560	
atg tgc tgc tac gtg ttc tca gcc cag cag ctc cag gca gca cag gtc	1728
Met Cys Cys Tyr Val Phe Ser Ala Gln Gln Leu Gln Ala Ala Gln Val	
565 570 575	
agc cct gat gac att tct ctt ggc ttc ctg gtg cgt gcc aaa ggt gtc	1776
Ser Pro Asp Asp Ile Ser Leu Gly Phe Leu Val Arg Ala Lys Gly Val	
580 585 590	
gtg cca ggg agt acg gcg ccc ctg gaa ttc ctt cac atc act ttc cag	1824
Val Pro Gly Ser Thr Ala Pro Leu Glu Phe Leu His Ile Thr Phe Gln	
595 600 605	
tgc ttc ttt gcc gcg ttc tac ctg gca ctc agt gct gat gtg cca cca	1872
Cys Phe Phe Ala Ala Phe Tyr Leu Ala Leu Ser Ala Asp Val Pro Pro	
610 615 620	
gct ttg ctc aga cac ctc ttc aat tgt ggc agg cca ggc aac tca cca	1920
Ala Leu Leu Arg His Leu Phe Asn Cys Gly Arg Pro Gly Asn Ser Pro	
625 630 635 640	

atg gcc agg ctc ctg ccc acg atg tgc atc cag gcc tcg gag gga aag	1968
Met Ala Arg Leu Leu Pro Thr Met Cys Ile Gln Ala Ser Glu Gly Lys	
645 650 655	
 gac agc agc gtg gca gct ttg ctg cag aag gcc gag ccg cac aac ctt	2016
Asp Ser Ser Val Ala Ala Leu Leu Gln Lys Ala Glu Pro His Asn Leu	
660 665 670	
 cag atc aca gca gcc ttc ctg gca ggg ctg ttg tcc cgg gag cac tgg	2064
Gln Ile Thr Ala Ala Phe Leu Ala Gly Leu Leu Ser Arg Glu His Trp	
675 680 685	
 ggc ctg ctg gct gag tgc cag aca tct gag aag gcc ctg ctc cgg cgc	2112
Gly Leu Leu Ala Glu Cys Gln Thr Ser Glu Lys Ala Leu Leu Arg Arg	
690 695 700	
 cag gcc tgt gcc cgc tgg tgt ctg gcc cgc agc ctc cgc aag cac ttc	2160
Gln Ala Cys Ala Arg Trp Cys Leu Ala Arg Ser Leu Arg Lys His Phe	
705 710 715 720	
 cac tcc atc ccg cca gct gca ccg ggt gag gcc aag agc gtg cat gcc	2208
His Ser Ile Pro Pro Ala Ala Pro Gly Glu Ala Lys Ser Val His Ala	
725 730 735	
 atg ccc ggg ttc atc tgg ctc atc cgg agc ctg tac gag atg cag gag	2256
Met Pro Gly Phe Ile Trp Leu Ile Arg Ser Leu Tyr Glu Met Gln Glu	
740 745 750	
 gag cgg ctg gct cgg aag gct gca cgt ggc ctg aat gtt ggg cac ctc	2304
Glu Arg Leu Ala Arg Lys Ala Ala Arg Gly Leu Asn Val Gly His Leu	
755 760 765	
 aag ttg aca ttt tgc agt gtg ggc ccc act gag tgt gct gcc ctg gcc	2352
Lys Leu Thr Phe Cys Ser Val Gly Pro Thr Glu Cys Ala Ala Leu Ala	
770 775 780	
 ttt gtg ctg cag cac ctt cgg cgg ccc gtg gcc ctg cag ctg gac tac	2400
Phe Val Leu Gln His Leu Arg Arg Pro Val Ala Leu Gln Leu Asp Tyr	
785 790 795 800	
 aac tct gtg ggt gac att ggc gtg gag cag ctg ctg cct tgc ctt ggt	2448
Asn Ser Val Gly Asp Ile Gly Val Glu Gln Leu Leu Pro Cys Leu Gly	
805 810 815	
 gtc tgc aag gct ctg tat ttg cgc gat aac aat atc tca gac cga ggc	2496
Val Cys Lys Ala Leu Tyr Leu Arg Asp Asn Asn Ile Ser Asp Arg Gly	
820 825 830	
 atc tgc aag ctc att gaa tgt gct ctt cac tgc gag caa ttg cag aag	2544
Ile Cys Lys Leu Ile Glu Cys Ala Leu His Cys Glu Gln Leu Gln Lys	
835 840 845	
 tta gct cta ttc aac aac aaa ttg act gac ggc tgt gca cac tcc atg	2592
Leu Ala Leu Phe Asn Asn Lys Leu Thr Asp Gly Cys Ala His Ser Met	
850 855 860	
 gct aag ctc ctt gca tgc agg cag aac ttc ttg gca ttg agg ctg ggg	2640
Ala Lys Leu Leu Ala Cys Arg Gln Asn Phe Leu Ala Leu Arg Leu Gly	
865 870 875 880	
 aat aac tac atc act gcc gcg gga gcc caa gtg ctg gcc gag ggg ctc	2688

Asn Asn Tyr Ile Thr Ala Ala Gly Ala Gln Val Leu Ala Glu Gly Leu
 885 890 895
 cga ggc aac acc tcc ttg cag ttc ctg gga ttc tgg ggc aac aga gtg 2736
 Arg Gly Asn Thr Ser Leu Gln Phe Leu Gly Phe Trp Gly Asn Arg Val
 900 905 910
 ggt gac gag ggg gcc cag gcc ctg gct gaa gcc ttg ggt gat cac cag 2784
 Gly Asp Glu Gly Ala Gln Ala Leu Ala Glu Ala Leu Gly Asp His Gln
 915 920 925
 agc ttg agg tgg ctc agc ctg gtg ggg aac aac att ggc agt gtg ggt 2832
 Ser Leu Arg Trp Leu Ser Leu Val Gly Asn Asn Ile Gly Ser Val Gly
 930 935 940
 gcc caa gcc ttg gca ctg atg ctg gca aag aac gtc atg cta gaa gaa 2880
 Ala Gln Ala Leu Ala Leu Met Leu Ala Lys Asn Val Met Leu Glu Glu
 945 950 955 960
 ctc tgc ctg gag gag aac cat ctc cag gat gaa ggt gta tgt tct ctc 2928
 Leu Cys Leu Glu Glu Asn His Leu Gln Asp Glu Gly Val Cys Ser Leu
 965 970 975
 gca gaa gga ctg aag aaa aat tca agt ttg aaa atc ctg aag ttg tcc 2976
 Ala Glu Gly Leu Lys Lys Asn Ser Ser Leu Lys Ile Leu Lys Leu Ser
 980 985 990
 aat aac tgc atc acc tac cta ggg gca gaa gcc ctc ctg cag gcc ctt 3024
 Asn Asn Cys Ile Thr Tyr Leu Gly Ala Glu Ala Leu Leu Gln Ala Leu
 995 1000 1005
 gaa agg aat gac acc atc ctg gaa gtc tgg ctc cga ggg aac act ttc 3072
 Glu Arg Asn Asp Thr Ile Leu Glu Val Trp Leu Arg Gly Asn Thr Phe
 1010 1015 1020
 tct cta gag gag gtt gac aag ctc ggc tgc agg gac acc aga ctc ttg 3120
 Ser Leu Glu Glu Val Asp Lys Leu Gly Cys Arg Asp Thr Arg Leu Leu
 1025 1030 1035 1040
 ctt tgaagtctcc gggaggatgt tcgtctcagt ttgtttgtga caggctgtga 3173
 Leu
 gtttggggccc cagaggctgg gtgacatgtg ttggcagcct cttcaaaatg agccctgtcc 3233
 tgcctaaggc tgaacttggt ttctgggaac accataggtc acctttattc tggcagagga 3293
 gggagcatca gtgccctcca ggatagactt ttcccaagcc tacttttgcc attgacttct 3353
 tcccaagatt caatcccagg atgtacaagg acagccccc tccatagtat gggactggcc 3413
 tctgctgac ctcacagget tccgtgtggg tcagtggggc ccatggatgt gcttgtaaac 3473
 tgagtgcctt ttggtggaga ggcccggccc acataattca ggaagcagct ttcccatgt 3533
 ctcgactcat ccatccaggc cattcccgt ctctggttcc tccctctctc ctggactcct 3593
 gcacacgctc cttcctctga ggtgaaatt cagaatatta gtgacctcag ctttgatatt 3653
 tcacttacag ccccccaac cctggcacc aggggtggaa gggctacacc ttagcctgcc 3713
 ctcctttcog gtgtttaaga ctttttggga aggggacacg tgacagccgt ttgttcccca 3773

agacattcta ggtttgcaag aaaaatatga ccacactcca gctgggatca catgtggact 3833
 tttatttcca gtgaaatcag ttactcttca gttaagcctt tggaacagc tcgactttaa 3893
 aaagctccaa atgcagcttt aaaaaattaa tctgggccag aatttcaaac ggcctcacta 3953
 ggcttctggt tgatgcctgt gaactgaact ctgacaacag acttctgaaa tagaccaca 4013
 agaggcagtt ccatttcatt tgtgccagaa tgctttagga tgtacagtta tggattgaaa 4073
 gtttacagga aaaaaatta ggccgttcct tcaaagcaaa tgtcttcctg gattattcaa 4133
 aatgatgtat gttgaagcct ttgtaaattg tcagatgctg tgcaaatggt attattttaa 4193
 acattatgat gtgtgaaaac tggtaatat ttatagggtca ctttgtttta ctgtcttaag 4253
 tttatactct tatagacaac atggccgtga actttatgct gtaaataatc agaggggaat 4313
 aaactgttg 4322

<210> 2

<211> 1041

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met	Glu	Lys	Arg	Arg	Gly	Leu	Thr	Ile	Glu	Cys	Trp	Gly	Pro	Gln	Ser	1	5	10	15
Pro	Ser	Leu	Thr	Leu	Phe	Ser	Ser	Pro	Gly	Cys	Glu	Met	Cys	Ser	Gln	20	25	30	
Glu	Ala	Phe	Gln	Ala	Gln	Arg	Ser	Gln	Leu	Val	Glu	Leu	Leu	Val	Ser	35	40	45	
Gly	Ser	Leu	Glu	Gly	Phe	Glu	Ser	Val	Leu	Asp	Trp	Leu	Leu	Ser	Trp	50	55	60	
Glu	Val	Leu	Ser	Trp	Glu	Asp	Tyr	Glu	Gly	Phe	His	Leu	Leu	Gly	Gln	65	70	75	80
Pro	Leu	Ser	His	Leu	Ala	Arg	Arg	Leu	Leu	Asp	Thr	Val	Trp	Asn	Lys	85	90	95	
Gly	Thr	Trp	Ala	Cys	Gln	Lys	Leu	Ile	Ala	Ala	Ala	Gln	Glu	Ala	Gln	100	105	110	
Ala	Asp	Ser	Gln	Ser	Pro	Lys	Leu	His	Gly	Cys	Trp	Asp	Pro	His	Ser	115	120	125	
Leu	His	Pro	Ala	Arg	Asp	Leu	Gln	Ser	His	Arg	Pro	Ala	Ile	Val	Arg	130	135	140	
Arg	Leu	His	Ser	His	Val	Glu	Asn	Met	Leu	Asp	Leu	Ala	Trp	Glu	Arg	145	150	155	160
Gly	Phe	Val	Ser	Gln	Tyr	Glu	Cys	Asp	Glu	Ile	Arg	Leu	Pro	Ile	Phe	165	170	175	

Thr Pro Ser Gln Arg Ala Arg Arg Leu Leu Asp Leu Ala Thr Val Lys
 180 185 190
 Ala Asn Gly Leu Ala Ala Phe Leu Leu Gln His Val Gln Glu Leu Pro
 195 200 205
 Val Pro Leu Ala Leu Pro Leu Glu Ala Ala Thr Cys Lys Lys Tyr Met
 210 215 220
 Ala Lys Leu Arg Thr Thr Val Ser Ala Gln Ser Arg Phe Leu Ser Thr
 225 230 235 240
 Tyr Asp Gly Ala Glu Thr Leu Cys Leu Glu Asp Ile Tyr Thr Glu Asn
 245 250 255
 Val Leu Glu Val Trp Ala Asp Val Gly Met Ala Gly Ser Pro Gln Lys
 260 265 270
 Ser Pro Ala Thr Leu Gly Leu Glu Glu Leu Phe Ser Thr Pro Gly His
 275 280 285
 Leu Asn Asp Asp Ala Asp Thr Val Leu Val Val Gly Glu Ala Gly Ser
 290 295 300
 Gly Lys Ser Thr Leu Leu Gln Arg Leu His Leu Leu Trp Ala Ala Gly
 305 310 315 320
 Gln Asp Phe Gln Glu Phe Leu Phe Val Phe Pro Phe Ser Cys Arg Gln
 325 330 335
 Leu Gln Cys Met Ala Lys Pro Leu Ser Val Arg Thr Leu Leu Phe Glu
 340 345 350
 His Cys Cys Trp Pro Asp Val Gly Gln Glu Asp Ile Phe Gln Leu Leu
 355 360 365
 Leu Asp His Pro Asp Arg Val Leu Leu Thr Phe Asp Gly Phe Asp Glu
 370 375 380
 Phe Lys Phe Arg Phe Thr Asp Arg Glu Arg His Cys Ser Pro Thr Asp
 385 390 395 400
 Pro Thr Ser Val Gln Thr Leu Leu Phe Asn Leu Leu Gln Gly Asn Leu
 405 410 415
 Leu Lys Asn Ala Arg Lys Val Val Thr Ser Arg Pro Ala Ala Val Ser
 420 425 430
 Ala Phe Leu Arg Lys Tyr Ile Arg Thr Glu Phe Asn Leu Lys Gly Phe
 435 440 445
 Ser Glu Gln Gly Ile Glu Leu Tyr Leu Arg Lys Arg His His Glu Pro
 450 455 460
 Gly Val Ala Asp Arg Leu Ile Arg Leu Leu Gln Glu Thr Ser Ala Leu
 465 470 475 480
 His Gly Leu Cys His Leu Pro Val Phe Ser Trp Met Val Ser Lys Cys
 485 490 495
 His Gln Glu Leu Leu Leu Gln Glu Gly Gly Ser Pro Lys Thr Thr Thr

500										505										510																									
Asp	Met	Tyr	Leu	Leu	Ile	Leu	Gln	His	Phe	Leu	Leu	His	Ala	Thr	Pro																														
		515					520						525																																
Pro	Asp	Ser	Ala	Ser	Gln	Gly	Leu	Gly	Pro	Ser	Leu	Leu	Arg	Gly	Arg																														
		530				535						540																																	
Leu	Pro	Thr	Leu	Leu	His	Leu	Gly	Arg	Leu	Ala	Leu	Trp	Gly	Leu	Gly																														
		545			550					555					560																														
Met	Cys	Cys	Tyr	Val	Phe	Ser	Ala	Gln	Gln	Leu	Gln	Ala	Ala	Gln	Val																														
				565					570					575																															
Ser	Pro	Asp	Asp	Ile	Ser	Leu	Gly	Phe	Leu	Val	Arg	Ala	Lys	Gly	Val																														
				580				585					590																																
Val	Pro	Gly	Ser	Thr	Ala	Pro	Leu	Glu	Phe	Leu	His	Ile	Thr	Phe	Gln																														
				595			600					605																																	
Cys	Phe	Phe	Ala	Ala	Phe	Tyr	Leu	Ala	Leu	Ser	Ala	Asp	Val	Pro	Pro																														
				610			615					620																																	
Ala	Leu	Leu	Arg	His	Leu	Phe	Asn	Cys	Gly	Arg	Pro	Gly	Asn	Ser	Pro																														
					630					635					640																														
Met	Ala	Arg	Leu	Leu	Pro	Thr	Met	Cys	Ile	Gln	Ala	Ser	Glu	Gly	Lys																														
					645				650					655																															
Asp	Ser	Ser	Val	Ala	Ala	Leu	Leu	Gln	Lys	Ala	Glu	Pro	His	Asn	Leu																														
				660				665					670																																
Gln	Ile	Thr	Ala	Ala	Phe	Leu	Ala	Gly	Leu	Leu	Ser	Arg	Glu	His	Trp																														
				675			680					685																																	
Gly	Leu	Leu	Ala	Glu	Cys	Gln	Thr	Ser	Glu	Lys	Ala	Leu	Leu	Arg	Arg																														
				690			695					700																																	
Gln	Ala	Cys	Ala	Arg	Trp	Cys	Leu	Ala	Arg	Ser	Leu	Arg	Lys	His	Phe																														
					710				715					720																															
His	Ser	Ile	Pro	Pro	Ala	Ala	Pro	Gly	Glu	Ala	Lys	Ser	Val	His	Ala																														
				725				730					735																																
Met	Pro	Gly	Phe	Ile	Trp	Leu	Ile	Arg	Ser	Leu	Tyr	Glu	Met	Gln	Glu																														
				740				745				750																																	
Glu	Arg	Leu	Ala	Arg	Lys	Ala	Ala	Arg	Gly	Leu	Asn	Val	Gly	His	Leu																														
				755			760					765																																	
Lys	Leu	Thr	Phe	Cys	Ser	Val	Gly	Pro	Thr	Glu	Cys	Ala	Ala	Leu	Ala																														
						775					780																																		
Phe	Val	Leu	Gln	His	Leu	Arg	Arg	Pro	Val	Ala	Leu	Gln	Leu	Asp	Tyr																														
					790					795				800																															
Asn	Ser	Val	Gly	Asp	Ile	Gly	Val	Glu	Gln	Leu	Leu	Pro	Cys	Leu	Gly																														
				805				810					815																																
Val	Cys	Lys	Ala	Leu	Tyr	Leu	Arg	Asp	Asn	Asn	Ile	Ser	Asp	Arg	Gly																														
				820				825					830																																

Ile Cys Lys Leu Ile Glu Cys Ala Leu His Cys Glu Gln Leu Gln Lys
 835 840 845
 Leu Ala Leu Phe Asn Asn Lys Leu Thr Asp Gly Cys Ala His Ser Met
 850 855 860
 Ala Lys Leu Leu Ala Cys Arg Gln Asn Phe Leu Ala Leu Arg Leu Gly
 865 870 875 880
 Asn Asn Tyr Ile Thr Ala Ala Gly Ala Gln Val Leu Ala Glu Gly Leu
 885 890 895
 Arg Gly Asn Thr Ser Leu Gln Phe Leu Gly Phe Trp Gly Asn Arg Val
 900 905 910
 Gly Asp Glu Gly Ala Gln Ala Leu Ala Glu Ala Leu Gly Asp His Gln
 915 920 925
 Ser Leu Arg Trp Leu Ser Leu Val Gly Asn Asn Ile Gly Ser Val Gly
 930 935 940
 Ala Gln Ala Leu Ala Leu Met Leu Ala Lys Asn Val Met Leu Glu Glu
 945 950 955 960
 Leu Cys Leu Glu Glu Asn His Leu Gln Asp Glu Gly Val Cys Ser Leu
 965 970 975
 Ala Glu Gly Leu Lys Lys Asn Ser Ser Leu Lys Ile Leu Lys Leu Ser
 980 985 990
 Asn Asn Cys Ile Thr Tyr Leu Gly Ala Glu Ala Leu Leu Gln Ala Leu
 995 1000 1005
 Glu Arg Asn Asp Thr Ile Leu Glu Val Trp Leu Arg Gly Asn Thr Phe
 1010 1015 1020
 Ser Leu Glu Glu Val Asp Lys Leu Gly Cys Arg Asp Thr Arg Leu Leu
 1025 1030 1035 1040
 Leu

<210> 3
 <211> 37443
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> exon
 <222> (63)..(106)

<220>
 <221> exon
 <222> (3908)..(4406)

<220>
 <221> exon
 <222> (12307)..(12412)

<220>
 <221> exon
 <222> (15010) .. (16825)

<220>
 <221> exon
 <222> (21017) .. (21100)

<220>
 <221> exon
 <222> (21321) .. (21404)

<220>
 <221> exon
 <222> (24355) .. (24438)

<220>
 <221> exon
 <222> (27052) .. (27135)

<220>
 <221> exon
 <222> (27730) .. (27813)

<220>
 <221> exon
 <222> (29917) .. (30000)

<220>
 <221> exon
 <222> (34244) .. (34327)

<220>
 <221> exon
 <222> (36123) .. (37443)

<400> 3
 tcaccatata actggtatatt aaagccacaa gagcaggtgg gctcatctag ggatggagtg 60
 atatggagaa gagaaggggt ctaaccattg agtgctgggg cccccagtgt taggaaccag 120
 ccaagaagac agaaagagtg aaaatcagag agttgggggtg tcctggagga aatgaagaaa 180
 atgccccaaa gaggaaggag ggaacaaata tgaccaatgc ccctggcaga gcaagcaggc 240
 tgagggctga ggattgagca atgggaggtc actggtgaca gtttcaactg agctggatgg 300
 ggaactagag ggaatgggag gggatgggag gacttgggga cagcagtaca ggcaacagac 360
 aagggggcct gctgtaaagg gagcagataa atgggattgg agccaaatga agaaggggag 420
 tgtcaagaga gtgctttact tttaaatgg agaattagag tgcatgtgc actggtgggg 480
 ggatttgatc tcttagggag agaacagtgt tagggaggga gaatgcagga tagctggggg 540
 aggggtgggg gcttggcccc agcagagact caggacactt gggaagttga gcttccctgg 600
 gcttcccctc ctctcctgtc tgcaaggggt cagtgggctg agatttcagc acttaagcaa 660
 agcatttgct cttggcccc gagaaaccgg gctggctgtg gtctcaggaa ggaaggaggt 720
 gtccaggctc aggcctgggc ctgggtttca gggaggggcc acgtgggtca ccccttgacc 780
 ctctctttca gcaagggaagt gatcctttct ctacatgggc ctacacctgg ggaggacaa 840
 ggtgtctttg aagttgtagt aactgaagta gagatcaaaa ggcaatgcag atagactgac 900
 agatttcgcc tgaagagggg aagcccgacc aggtataaaa ggagtaagag gaaggatgtt 960
 aaggacaatt ttaggaaaca gataatgagt gaatatcttt tctctctctt tcccaattta 1020
 aactgaagca ggagaaactg aagctagaca taatgattaa cttcccaagc tggtagctt 1080
 cctgagctgg ttagtgagaa cagcactaag gccaggttct cctccccaga tgtttaagat 1140
 gagacaggac aatgcctgct cagagacagg gcctggctga attggccctc aggattctct 1200
 ctgctctgag gtttctggaa gaaggccagg gcagaggtgt ggtgatgtag ctgctgggag 1260
 gacagagctc cgagtcacgt ggcttgggct ggccctccct tcctggtgtc cacagaagcc 1320
 caacgtcact agctgggggtg tgtatggctc acacgtaggc caggctgccc taggcttggg 1380

gtgcaaggga ggggccccta cttacttggt gctgtgcccc tctgtaattgt gtctcatgtc 1440
 ccagtgggg tttttcagtg aggggtcatgg tctccaggat gcacaaggct ttgtgccaga 1500
 attgcttgga attgcctagt tctggaaggc tgggtggcca actctggcct ccggcttttc 1560
 ctttgggaat ttcccttgaa ggtgggggtg gtagacagat ccaggtcac cagtctgtg 1620
 ccactgggct tttggcattc tgcacaaggc ctaccgcag atgccatgcc tgcctcccca 1680
 gcctaattggg ctttgatggg ggaagagggt ggttcagcct ctcacgatga ggaggaaaga 1740
 gcaagtgtcc tctcgggaca ttctccgggt aagaggagca ggcattgtcc cgtcccagct 1800
 tgatcctcag ccttctttca tccttgcccg cgacatgctc ccaggcctgg ggtcagatgg 1860
 ggagtgtga ctctgtttct gggctgtttt ctggggagaa tgggtcggcg ggtttttttc 1920
 cccaggacct gggcagggtc aatgggtggg gccgtgtcg cctcttggc tgggtgttcc 1980
 acagctgaga accactccag ggccaagccc agagcttatt ctaccctttt ttgtcctctc 2040
 ttccctgtc ctggccacc ccacctctt ggctcctctg cttagatgtg ggcacaagga 2100
 ggagaactcc ttggcctgag agaactacct tagatcctgg cttccagtg cctctgcagg 2160
 ggggtacacc ctctctccca agcagccaga cacacaagta acctcattgc ctcagtttcc 2220
 ccactgagc agcacagggc cccctgtgcc ccagcagcgt tctgagagat tggagcttcc 2280
 tccttttgct taccttggt accgtatgag gacggataca gagtgttccc cccaccccca 2340
 gccaggggga tatttgatcc atgaacattc cctcagtgct tttgtggggg acaatgctgt 2400
 gccaggctca gggatgccag gacgagtaag acccaggctc ccacgtggcc caggcaggga 2460
 gagagacaca taaacaacca tcaggaaaga ggtaaaatcc ccaggccact tggcatctgc 2520
 tcctctgagt gtctgggaat gtccctgatt tataaaaaga agctgacggc cctctttgtt 2580
 gtccatgctc acacccttcc actttcgttt cttcggggca ctgcagcagc cttgttccc 2640
 agaccccatg acaatcgag aactgacct gctgagagat tttcttggt gctcagggac 2700
 cctgccaggg cttgaagctc ctggagggtc acttgccctc aaattcccag aacgcacagc 2760
 aggtcactga tgatagcagt ggcagcagtc tgtgcacggg ggtttcgagg gcgtgggagg 2820
 gaggtgaggg ccctagggca agtggtgtgt ggaagtgtt atgggggaca aggcaccaga 2880
 acgctcgga acaacttagt ttgcaccgta attttctact tcgcctagga caggacctt 2940
 agagcaatat ctgagctca ccccttgag tagcagtgtg caaaacacac agcagggct 3000
 tggggccccc gtggggaacc caaatgtaag agttagagac atgcattccg gactcataca 3060
 tggctcgtgt tgaatcctg actctgctg tctagctgtg acacatcgta caaatcactt 3120
 agcttcttg tgctcagtg tcttctctg tagaatgggt agatcatagg cactacttca 3180
 gagtggctgg gagggttcag tgaattcctg caggagagca cttagaatgg cacttggtgt 3240
 gtagtttatg ctttaataat attagccgtt actgaaactg ctgtagcctg aatccagcca 3300
 gcatgaaaga gccctctca cctgcttcg aagagaatga attccctgat tgtttggaag 3360
 atctctctct ctctctctgt cttttttttt tttttttgag aaacggtctt gctctcttgc 3420
 ccaggctgga ggcgaatggt gccatcttgg ctactgcaa cctctgcctc ccgggttcaa 3480
 gtgattctcc tgtctcagcc tcctgagtag ctgggattac aggcgctcgc caccacgcct 3540
 ggctaatttt tgtattttta gtagagacag cgtttcaccc tgttgcccg gctggtctag 3600
 cgctcctgat ctcaagtga cttgggagat ctcttgctcc taatattacc tcaagcctt 3660
 ttaaacgttt taagccggag accaagcatg gatagggag ttagggtct tgaattaat 3720
 cttggttgct tcaaaactct tggaaacttg aggtgtttct tgccttctct ggtctcaat 3780
 tttcacatct atatggtggg gagcttgat tgggtaattgt ctgaggctag aacctaggcc 3840
 aactcgggt ctgctggggc tgacttgccc tggccttccc tgaccacct gcactggct 3900
 tctggagaag tcctcactg acctgttct cctcccagg ttgtgaaatg tgcctgcagg 3960
 aggttttca ggcacagagg agccagctgg tcgagctgct ggtctcagg tccctggaag 4020
 gcttcgagag tgtcctggag tggctgctgt cctggagggt cctctcctgg gaggactacg 4080
 agggcttcca cctcctggc cagcctctct ccacttgcc caggcgcctt ctggacaccg 4140
 tctggaataa gggtaacttg gctgtcaga agctcatcgc ggctgccc aaagcccagg 4200
 ccgacagcca gtccccaag ctgcatggct gctgggaccc ccactcgctc caccagccc 4260
 gagacctga gactaccgg ccagccattg tcaggaggct ccacagccat gtggagaaca 4320
 tgctggacct ggcattggag cggggtttcg tcagccagta tgaatgtgat gaaatcagg 4380
 tgccgatctt cacaccgtcc cagagggtga ggactcctg gtgtgcatca cagagttctc 4440
 aggaaagggt tgcctagtca ccaagactga tttgtctca tgaagtcagc ctgtggggta 4500
 acttggtccg tgggatttcc cctaaaaagg tagccaggca ggtaaaaatt gctcttgact 4560
 ctggcaggga aacatacaac tctttcttct ttcttttctt ttcttttct cactctgtta 4620
 ccctggctag aatgcagtgg cacaatcata gctcactgta gccttgaatt cctgcgctca 4680
 agtgatcttc tggccttaga gtagctggga ctacggctgc tgaaccacca tgaacagcta 4740
 attttttttt ttctttttag agattgggtg ttgctatggt gccagggctg gtctccagct 4800
 cctggcttta agcaatcctc ccgcttggc cctccaaact gttgggattg caggcatgag 4860
 ccactttgcc tggccaacag aacacttctg ccgagaggaa gtgtgtggtg gccaggaaact 4920
 cagattctgg agccagaatg gtgcaggctc aaggtaacc ctgtgtgatc tcaggcttcc 4980
 ctatggagcc tctccagcct cagtctccct tgtttcagtt tctcatcta caaaacaatg 5040

ttaatagtca aatggtgcct atcctataag gctcttggga ggattcagt agttaatttg 5100
 agtaatgctt aggatagtgt ctattaccac tggctgctat ttattatttc tgttatgagt 5160
 gatactctgt acttggtacac ttttatttct gtctgtttta aattaacagc acaacagacc 5220
 ataacactgc agtatattga atttatttta taattaacat agcatattat aaactaatat 5280
 agcttaaatg tttatgtagg atttctgaca tgaattgca ttagatcata gatgttcaga 5340
 gttggtatat aacagcccct gagaatgtag taactcagca gagaccagaa ggtcagagaa 5400
 atgaccactg agtatttttg aaactctttt gttttcttcc aaatagtgt tcttagggct 5460
 cctgagaggc agatggaaca atcattaaca ttccacttta taaatcggga agttgagacc 5520
 aaggaaagta gtttgaataa gctcacagta gttaatgagg gggccagtgc tggaccaatt 5580
 gccagcact ggtcattgac ttattcatcc atcattcatt tattcagcca gaatctatta 5640
 ggtgcttcat acataatttg ttaaagtttg ttgtgttcat agagctttgc acacggtagg 5700
 tactccataa acatttgttg atgaaataag tgagtactg aatgaatgat tgaattagaa 5760
 tgacactgca gtgtttaaatt gggctgggtt ggggaacatt ttagtttttg tttttgtctg 5820
 ttttccaaaa atgtatgtgt tgttcacatg agtctggata accctagatt gagattgatg 5880
 acataaataa atttgtcttc aaggctgcac taaagctggc tcacatggct aggtatttac 5940
 agagcagaag tgggtcagtc ctctctgatt agttgcacgt acagaagaca tttcgttat 6000
 tggactgacc ttagtttctc ttataatttg ttaggggaat tgaatcagcc catctgagaa 6060
 gttacaagat tgtgtcttgt catctttaa agttcagcaa tgtgatgtgg tacagatggg 6120
 ctgaggggtt tggagaaggt agcctagatc cctagggccc agagaagaca gtagtgaac 6180
 agaggaagta catggattgg tgaagaaaag aaatgggata actcatgggt caaagaagaa 6240
 atcatgatgg aaatcagaaa atattcagaa ccatacaata atgagaatat tatttatcaa 6300
 aatctattgg atgcagctaa agcaggacat agggggaaat ttacaacctt aggtgcctag 6360
 attaggaag aaggaaggca tttgtttatt tatttgttta tttatttatt tgagatgggg 6420
 gtctactgt gtcaccagg ctgctggagt gcagtagcac gatcataaat cactgaagtc 6480
 tcgaacttct gggctgaagt gatcctccc cctcagcctt ccaagtaggt gggacacagg 6540
 ctgaccacac cataccaggc taattttttt tttgtagaca cagggtcttg ctatgttgag 6600
 gtctcaaact cctgggctca agtaatctc ctccctcggc ttcccaaagt gctgggatta 6660
 caggcatgag ccactgcgcc catctaaggc tgaattttaa tgagctaaga attcatctta 6720
 agaaagggt aaatagacag caaaagcaaa cattgaagg tgggactgag ctgagtgggt 6780
 agcagggatg ggagacaaca gatctgagga gagcaggaga tttgaaagg attgcactgc 6840
 ctgaggttta agcctttaga atccagctct ctctgagctc cctttgagct ctgacattct 6900
 gtgactctga tttggtggcc ttcccttagt ggccttactg atttcatttg gatgtgctt 6960
 gtggtatatc caaccaacat gtcttcccaa atggcctttt aatttcctat aaagaagtga 7020
 ttgtcattga ttgcaggtta gggacagaaa atgctgtgga atgaaacaaa atgcaagtta 7080
 aagaactaaa ttccaaaaat acccattgct actattgact gagtgaattc ctactgtgtg 7140
 ccagacactg taccagtcct attccctgta ttgttttatt taagcctcac aagggtatag 7200
 tgtgactaca ctgtttctta acaatgaaga aactgcccaa atcgcccatc tgggaagcgg 7260
 cccagctaga atttgaatcc aggcctgttt tctccagag ctgtgtctat tctctgtctg 7320
 tcataaaatg tgggggcttt gtgtggtaaa cttgctcagt tgggcatagc agttgttagg 7380
 aaacctgagg ctggtaacac cagctgtaat accagctgtc cgtctgactc atgcaactgt 7440
 taaagttagt agggctgagg tgtcagactg agctctgaat tgctgattc ctataacaat 7500
 attaaactaa acatttttta aattgggaaa tgcaccatgc atacagaaga gtgtgtatat 7560
 ttcatatgta tagtgtaaac tgttcccatc acccaggtta aaaaacagga tgttgccagt 7620
 acctggggcc ttctttaact gcaactgcta gaggtaaaca ctggcttgac ttttgtgtaa 7680
 atcatctctt tgcccttctt taatgtttta gcatctttta aaataaatcc ccaaataatg 7740
 tattgttcta ttttgaaaaa ctgagtagca agccaaaaat agctgtgtta agaaaggcca 7800
 cttaaattag gtggtgtgca gtggctcaag cctttaatcc cagtactttg ggaggctgag 7860
 gcagggtgat cacaaggcca ggagatcgag accatcctgg ccaacatgga gaaacccgt 7920
 ctctactaaa aatacaaaaa attagccaag aatagtggca tgtgcctgta gtcccagcta 7980
 ctcgaggaggc tgaggcagga gaatcgcttg aacccgggag gcagatgttg cagtgaactg 8040
 agatcgcact gcttgaacct gggaggcaga ggttgcaatg agccaagatc gcaccactgc 8100
 actctagcct gggtcacaga gcaagactct gtctcaaaaa aaaaaaaag 8160
 gttactattg ccttttctta gatgaagggt cccaaggcag ggaagctaa gtggagtctc 8220
 agggacttgg tctggctttt ccttccctgg gaatttataa ggacctcttc tgggaagtca 8280
 gtcggcaatg ccatgaatga gtctggggaa atattgggct cattgcaact ggagggtctg 8340
 gtaggactga tgtgaattag gtgctgtgtc cggaggaaaa tggccagagg aagtgggctg 8400
 ctttgtacag tcagtggtaa agttgccaaa ggctattata gctcacagga atgggccaag 8460
 gtaaaacact cctgtggagt gaaatgaatg tctcagctg actgaggcag cgggagtga 8520
 gaagaaacga ttttagttca tggtaagac aagtcaata tagataaagg ttagggtcag 8580
 gcttgctgg acatctagga gataactgcc ctcaacttgt ttgaatcttg agtactgct 8640
 ccattttgtt tgaactggtg gccatctact tatagtatac agccatcaac ctgagatttc 8700

cctacatggt cttcctgcct tggctcctg tctcctgaat cctatggcct cttcttccct 8760
 ggtttactac attttgctag accgtatcct ccagtcaatt ccttagaatg aatgtatgaa 8820
 agttaaattt tctgaggtct cacatgtcct aaagtccct cactactgat tgatagttg 8880
 gctgggtata aaattctggg ctggccatca ttttccctca gaattttgat tgcattattc 8940
 cattatcctc tcttttcaat attgcttcta agaattccaa aacctttttt tttttttcct 9000
 tttgagacag tgtctcactc tgtcaccag gctggaatgc agtagtgtga tctcagctca 9060
 ctgcaacctc cacctcctgg gttaagcga ttttcttcc tcagcctcct gagcagctgg 9120
 gattacaggc acccaccacc acacccttta gtagagatgg ggttttgcta tgttgccag 9180
 gctggctctg aacttctgac tttaggtgat ctgectactt cggcctccca aagtgtctgg 9240
 attaaaggcg tgagccacca caccagcct ccaaaacat tttaaaactc tttctggaag 9300
 ctttttaaat tttcttttag tccccagaat tttaaaattt caattatgtg ccttgggtgt 9360
 cttccattat attagtcacc caagaggtac tttcaatctg gaaacttctc tatgttttgg 9420
 gaaatgttct tgattagttt acaggtgatt tcttctctc cattttatct cttctctttt 9480
 catgaaacta ctattaatc aatgttagaa ttccttgact gatcatttaa ttttcttcta 9540
 ttttccatct ctgtgtctt tttgtctact tttctatgat agtcacagct ctatctttaa 9600
 actcttgagt ttttcathtt tgatgtcatg attttaattt gcaagaggtg ggtttgactg 9660
 attctttttt gtagtatcct actcttggtt tatggatgca acatcttctt tgacttaagg 9720
 atcataagat aggtgggttc tttgtttgtt tgtttgactg tttttcacc tatgtaaact 9780
 ttttctacaa gtttctttcc cttcccccc tttttggctt ctatctccca cattagatgc 9840
 tttctctggg ctcatgatac tctttgggtt tctttctcaa gattgacagg taggacttta 9900
 aaacttggtg agcatgcggg tgaacttgt ctacctgaa tttcactgta gatatttttg 9960
 agattgacag tgtttatate tttagatctc acctcctggg ttgatcaagt tatctgagta 10020
 caccacagac cttttgcctg gggataaacc agaatctgt ttcagaaacc actttgattc 10080
 agtcttctct tttttagtca tttccttcag ttccggaggt ccgtcatgct gatcattcca 10140
 gagcccttta cagatcctag ggtacacact gcatgggttt caactttctt gttttgggtt 10200
 taagatttgg ctttcaggag tctcctcagt ccgttactat tcattcaatc agcaagtcct 10260
 tgagcacctg atttgtgcca gacattcttc taggtgttag ggatacctca gtgaacaaaa 10320
 cagacaaaaa tctttgtctt ggaaatacac acactccagt caggggagag ggacaataag 10380
 ccaaaggaag gaaattacag cgtgtgctag aaggtgataa gtgctgtaga aagtaagtaa 10440
 agtgggtttg ggagttgaga ttttggaag gggataatg atggcaattg taaatagagt 10500
 agtcagagtt ctacattaga agtgaaatt caagtaaaga cttgaaggag gacagggaat 10560
 tagccacatg gatggctagg ggaaggcttc caagctgaga ggacagccag agccaaggcc 10620
 cagagggcag agcatacctg gtagtttttag gaaacaggag gccaggatgc tgagtggagt 10680
 aagagggggc atgaaaggag aaacttgggt ccacgtgggt ctgacaggtt atttttgtct 10740
 gttttgggct ctgaaggcta ctattggact tggactctta ctctgaggaa atagggacgc 10800
 tattgggagc tttgtacagg agcaatgtga cctgagtttt gtttgtaaaag gattagactc 10860
 tggctgtggc attaaggcta ggctgtggg gcaggaacag aagcaggggg accagttttg 10920
 cagcctgtgc agctttccag ataagcaggg attgtggctt ggaggaggat ggtatagagg 10980
 aggtgacaag aaatgactct atgtctggta ttagatatt ggccacagat ggcatttgag 11040
 cactagagac ctggctggtc cacatggagt ttccataagc acataataca catcagattt 11100
 caaagactta atatgaaaaa aaaaatttaa cgggccccgg gaattttttt cttttttttt 11160
 ttttttgaga cccagtcttg ctctgtcacc caggctggag tgcagtgggt tgatctcggc 11220
 tcactgcaac tccgcctcc caggttcaag tgattctcct gcctcagcct cctgagtacc 11280
 tgggactaca ggcacctgcc accacgcctg gctaattttt tgtattttta gtagtgatgg 11340
 ggtttcacca tgtgtccag gctggctctg aactccggac cttaggggat ctaccgcct 11400
 tggcctccca aattgctggg attacaggca tgagccacca tgctcagcca tatcttgcta 11460
 ttttctacat ggattacatg ttgaaatggt aatgttttgg ctattgtgga ttaaatagaa 11520
 tatatgatta aagttgattt catctatttc ttttaacttt aaaaaatatg tctgttagag 11580
 gatttgaaat tccacatgcg gcttgcatth gtgacctgca tttcatttct gtggaacagt 11640
 gccctttttg ggacatgctt tgaaggtgga gtcaacagga tttggcagat tacagacgag 11700
 aggttcaag ggtgactcca agacttcggg gcagagcacc tggaaagaaag gggttaatat 11760
 tagccaagat gaggaaggct gtcggtttg caggtgcatg ggcaggttag gagtttagtt 11820
 ttgaatatgt tggaggtgtt tatgaaactt ttaagtggag atggaaaata ggcagttgga 11880
 tgtgcaagtc cagggttcag ggagacagtt caggctggag atgaagatgt gggagtctga 11940
 ggagagattg tattcaataa ttcaatccat gagacttgat gaaatcactt ctcttccaaa 12000
 tgatttacag cctgcagaat cttttccct atcttttag gtttatgtct tcattttgtt 12060
 tcattttatt ttcagttatt cactgtttta gtgagttttg agtaggagcc agattggatg 12120
 catgcttca attcaccatc caacactgta ttaactactt gaaactcatg tggttgttcg 12180
 gttgtttttt tgacctttta ttctggatgg aagagagatg cttatgaagt tgcagtaatc 12240
 agtaagcctt cccacattgc tccatcagcc ttcttggag aataatgtct tctgcctttc 12300
 ctgtaggcaac gaaggtgct- tgatctgacc cgggtgaaag cgaatggatt ggtgccttc 12360

cttctacaac	atgttcagga	attaccagtc	ccattggccc	tgcctttgga	aggtaggtgt	12420
atgtttctcag	ttaatcagaa	aggaagggc	agtcagtga	gatccatggt	taagagcaga	12480
acacacctcg	gttaacatcc	catatgctgg	cagtatagcc	tccctatgac	tcaatttcct	12540
tgttttaagg	ctagcaccac	cccgctctcat	tgggattttg	ggagcattaa	aaggacaaaa	12600
gcgtgtaatg	ttagctatta	gctttcatta	tctccacac	agtatactga	caattgggct	12660
accatatatt	gagggctaac	ttaaagggtgt	acttaccatc	caaactctca	ttatctgtac	12720
cgaaaagata	tggacacatg	ttttgagtta	gggctggtat	ctcttgatct	ctgaaattta	12780
gcagctcaca	atgggaaact	caagaaccaa	gtggatctag	agactctggt	atccctcagt	12840
gcccagggtc	accacccaaa	ctcaggaaca	ggaggggctt	ggaccgcacc	acttgaacat	12900
accaggcatc	ctgccagggtg	ctttatggac	aatgtctacc	ctttgcaaca	accctgagaa	12960
gtaggtggtg	tttttttcca	ccttatagat	gtggaaactg	ggcagggagg	ttaagtgcag	13020
agggagggga	agatgggtct	gattgtaaat	tgtcccccac	tacactttct	cttttcttgg	13080
gagaagaaat	gtcagttgta	aagagagagt	gcaagcctgg	cactcttttag	ggcttgttcc	13140
tacaccactg	tagggaaagc	tcattggcac	tgaagccccc	tgagctgtgt	gtggtgctgg	13200
cagatgggtc	tatcacccctg	gactgtgtcc	tctgggcagc	aagcaagcct	gtgggcgggg	13260
tggctggaag	tctgtgcctg	gcactcgcga	gtgcaccgtc	tcattgaaga	acaggatcta	13320
aacatcagtg	cgccacagca	gggtgcgcgg	cacggagtgc	aggccctggt	ttggcccttg	13380
gttgaggttt	gctgttgaca	tcataagca	cagctagtca	ctgtaagacc	aggccagggt	13440
gcaagattcc	ccacacttct	aaaggtgaca	attggtgtat	ttatttctct	ataaaatgac	13500
attttttttt	tctggagaat	tttagtatca	ttggtgatga	ctggaaaacc	tgcatcagaa	13560
atcaggtcgg	aagaggaaga	tatatatctg	atatgtactg	gagaggaaga	tatctatctt	13620
atggtctaag	ttcagggatc	ctgggtatatt	cagagggcag	aaagctcagc	aataatcatc	13680
aactctggga	acagaggtga	cataaacaca	gggcgtcccc	tttgtgtgac	tgcatagatg	13740
catcagtgag	ctcagagctc	tatgaaaatt	acttgctagt	ttttgggttg	aaaatagtgg	13800
gccagtgttt	ggttgggggc	agtgaggctg	tgatggcggg	ggaccatgcc	aagctcctac	13860
cagcctggga	cgctaaacca	gcacttcccc	atttcttgaa	aggggaacta	aactctgaca	13920
caggaaatgg	tttgcttgca	ttacttttcag	gatgagaaa	gaagagcact	ggccttccaa	13980
acacaccccg	tcgatgaaaa	ctctccctgc	atggggtgca	tggggaggat	ggggaagtgg	14040
aggcaggatc	acagactcct	gttcgagtgc	tcagctgggg	caccccggtg	accccgaggc	14100
cttcccttgc	taggtccacc	cagatcaatc	aggatcatct	ccccatctcg	aagtttaact	14160
ttatcacatc	tcagagttcc	ttttgccacg	taaggtacaa	tattcacagg	ttctgagaat	14220
ccggacatgg	acatctttga	gggtctattg	ttgtgcctac	tatatccatg	aataataatg	14280
ataataagca	ccattttttg	agagtttgcc	atgtcagata	ttctttttaa	ctgtatttta	14340
tctcgctgcc	tcctgaaaaa	atccttccag	gtgtatatgt	tccccatttt	tacagatgag	14400
agaactgagg	cccgaagg	ctaaatggct	tgcccaagtg	tatggtggac	ccaggttttc	14460
aaactcaggt	gtgtctggct	tcagagactg	ggctcctgag	cccttaagcc	ctttgttccc	14520
ctttagaaaa	agtcacctga	ggctgagtgg	tgaagggatt	tatccaaagc	cacccggcca	14580
ctatggcagg	acagatatca	gaatacaggt	cttccgatcc	cagcccagag	ccccttcccg	14640
tcacttagaa	ctcctcctgg	tgctcagtaat	gataacggca	gtcactgatg	tcttttgagc	14700
acttactttg	tgttgagcac	ttacactgtg	ctaagcactt	gacataggtc	atcttagttg	14760
atccgtgtaa	aactctgtga	ggtagtgcac	aacatttctc	ccaccttaca	gaggtggaaa	14820
ctgagggtta	ggaagtttcc	ttgactgtcc	tcaaagtga	cagcttgtga	atggaggagc	14880
caggatgggc	gcccgtggc	tctcctatcc	cttcagttat	gtcagcgtcc	cccgcagcag	14940
cccatgtct	ggttaggtcc	cgtcttcacc	atggtgccac	cttcactctg	ctcttcttct	15000
gccttccagc	tgccacatgc	aagaagtata	tggccaagct	gaggaccacg	gtgtctgctc	15060
agtctcgctt	cctcagtacc	tatgatggag	cagagacgct	ctgcctggag	gacatataca	15120
cagagaatgt	ctgggaggtc	tgggcagatg	tgggcattgg	tggatccccg	cagaagagcc	15180
cagccaccct	gggcctggag	gagctcttca	gcaccctgg	ccacctcaat	gacgatgcgg	15240
acactgtgct	ggtggtgggt	gaggcgggca	gtggcaagag	cacgctcctg	cagcggctgc	15300
acttgctgtg	ggctgcaggg	caagacttcc	aggaatttct	ctttgtcttc	ccattcagct	15360
gccggcagct	gcagtgcagt	gcacaaaccac	tctctgtgcg	gactctactc	tttgagcact	15420
gctgttgccc	tgtgttggt	caagaagaca	tcttccagtt	actccttgac	cacctgacc	15480
gtgtcctgtt	aacctttgat	ggctttgacg	agttcaagtt	caggttcacg	gatcgtgaac	15540
gccactgctc	cccagccgac	cccacctctg	tcagaccct	gctcttcaac	cttctgcagg	15600
gcaacctgct	gaagaatgcc	cgcaaggtgg	tgaccagccg	tccggccgct	gtgtcggcgt	15660
tcctcaggaa	gtacatccgc	accgagttca	acctcaaggg	cttctctgaa	cagggcatcg	15720
agctgtacct	gaggaagcgt	catcatgagc	ccggggtggc	ggaccgcctc	atccgcctgc	15780
tccaagagac	ctcagccctg	cacggtttgt	gccacetgcc	tgtcttctca	tggatgggtg	15840
ccaaatgcc	ccaggaactg	ttgctgcagg	aggggggggtc	cccaaagacc	actacagata	15900
tgtacctgct	gattctgcag	cattttctgc	tgcatgccac	ccccccagac	tcagcttccc	15960
aaggctctggg	accagtcctt	cttcggggcc	gcctccccc	cctcctgcac	ctgggcagac	16020

tggtctctgtg	gggectgggc	atgtgctgct	acgtgttctc	agcccagcag	ctccaggcag	16080
cacaggtcag	ccctgatgac	atttctcttg	gcttcctgg	gcgtgccaaa	ggtgtcgtgc	16140
cagggagtag	ggcgcccttg	gaattccttc	acatcacttt	ccagtgtctc	tttgcccgct	16200
tctactctgg	actcagtgtc	gatgtgccac	cagctttgct	cagacacctc	ttcaattgtg	16260
gcaggccagg	caactcacca	atggccaggc	tccctgccac	gatgtgcata	caggcctcgg	16320
agggaaagga	cagcagcgtg	gcagctttgc	tgcagaaggc	cgagccgcac	aaccttcaga	16380
tcacagcagc	cttcctggca	gggctgttgt	cccgggagca	ctggggcctg	ctggctgagt	16440
gccagacata	tgagaaggcc	ctgctctggc	gccaggcctg	tgcccgtggg	tgtctggccc	16500
gcagcctccg	caagcacttc	cactccatcc	cgccagctgc	accgggtgag	gccaagagcg	16560
tgcatgccat	gccccgggtc	atctggctca	tccggagcct	gtacgagatg	caggaggagc	16620
ggctggctcg	gaaggctgca	cgtggcctga	atgttgggca	cctcaagtgg	acatttttga	16680
gtgtggggcc	cactgagtgt	gctgccctgg	cctttgtgct	gcagcacctt	cgccggcccg	16740
tgggcctgca	gctggactac	aactctgtgg	gtgacattgg	cgtggagcag	ctgctgcctt	16800
gccttggtgt	ctgcaaggct	ctgtagttag	tgttactggg	cattgctgtt	caggtagtgg	16860
ggagcaccat	caaggctaag	tgtgggagca	ccgagctggg	ctctagaagt	ctggggccca	16920
cttcgcctct	gccaccctgc	tttgcaacac	tgcccagatc	ccttcccttc	tgggccttaa	16980
tttcaatatg	tgatgatgac	agccacactt	tattgactgg	cctatgtgct	gggtctggtg	17040
ctatgctttc	cggaatgacc	tcatctaate	tctacaacca	ccctgggggg	taggcaggaa	17100
tgttattatc	tccattatcc	ttgacttgag	gctcagagaa	gtgaagtaac	ttgtccagga	17160
aatggcagag	ctgggggttc	caaattgcat	cattctgatt	acaggtttcc	tgctccccc	17220
cagtctatgg	atacacttca	gaggctccct	gaaaaccttg	aggtcacttg	cagaaagttt	17280
tgtgtagtag	gtgtccgtat	caggaacaac	accaaatacag	aggtgacttg	tgccccatca	17340
gagactttaa	caccccaacc	agatgggaat	ttcaggaccc	aagaaataga	aagtggctgc	17400
agggttacaa	ctactgttgg	attcctgagg	tagcacagtg	tccaaacagg	atttcagcac	17460
tacccgtatt	gcttagagcc	ccagccaaag	atgtgaggtt	ttgccctttg	gagaatctgt	17520
gcccctgaac	tcgggggcct	ccttccacat	cttgggggca	ggcaagggca	gaggggtgtc	17580
ctaggcctgc	ggatcagcat	gcgacagatt	ccccaacatc	cttccagctt	gaaaggggat	17640
tgccctgctt	ctatttagaa	cctataggaa	agcagaagtt	ctagattgaa	gttaaaattg	17700
attccagccc	tccaggggct	ttgggctaca	cctggatgac	cttaattgac	cctaagcatg	17760
ggacaaacca	cttcctgaga	gtattaggat	ggtatacatc	ttctctgggg	gcaaagcaac	17820
aagatttatt	tttcatcatg	gaccaaacac	atggataccc	actagaaact	gtgtagttaa	17880
ttttgttaac	cctgacatag	ggaccatggt	cttttaggtta	aagcataata	acaacataat	17940
acataacata	tatagcgaat	atatatatgt	attatatgca	atgaatgtaa	atatgattat	18000
accatcatg	gtcttgagg	aaacagatga	cacacttaaa	atgggtgttt	tgaggagagt	18060
ttgaaaaaca	gattgtttac	aagccatggg	caggagttag	gaagagttag	agggttggtg	18120
caggggctcg	gggttagtaa	cagctggggg	agggtagact	tgaaggggga	aggggaggga	18180
gactaattag	ctggggggaa	ggtatggaga	cggtgcctg	agcttctgca	aagtgggaaga	18240
atactgcttg	gcctaactc	ctcaccccaa	ctcttgctcg	tggccagcgc	cttccaccag	18300
ctggaccat	cagggaggcc	gagtgggctg	tctgctggag	tagtccccag	gcatacagct	18360
cccaggagcc	agggacgggt	agagaagggg	gagagtggat	ctggccaggc	aaatggaaaa	18420
cagccagcac	caaaactctat	ttccctagga	gggaggatca	tgatactttg	agtgggaatt	18480
tggaacactg	tctgttgagg	caatttccct	gatagaaata	agaatgtgca	ttttcctggg	18540
tagtagactc	agtttttacc	ccaagaggcc	aggcatcact	ggcctgtgtg	atcctcatag	18600
gtcagtcct	ctctggaatt	cttgaatgga	tcatccatcc	ttgattaggg	atgtccccgt	18660
gattaccagg	gtgtgcagaa	gggctctggg	aaacctgtgg	gtctgtctct	gtgttcagag	18720
aaaggtgagg	gtggcctggt	tctagctcat	ggtgtctaga	ctgtggtgtg	ttaaaggcact	18780
cgtggcaatg	cagattcctg	ggcctgcctc	tagtgattcc	cattcagtag	gtttgggggtg	18840
gggcccagg	aatctatatt	tttcacagac	accctggtg	attctgatac	aagtgggtctc	18900
gccttgagg	aactactggt	ctgcagcaac	cagcttggtt	ttccattagc	aattactgtc	18960
cttgagcgag	ttttactgct	cttcacctta	cacacactaa	aactgccaag	gccgtagggg	19020
aggggaagca	accatgaggt	tgctgtgagt	gcactgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	19080
tgtgtgtgtg	tgtatgagag	agagagagag	attgagaaag	agagggaagg	aggaaggggg	19140
agggcacagg	ctcctctccc	acagtgccaa	cctgcctctc	tcccacttga	agcgtttcca	19200
tgccaactga	aatcctcagc	ctctaggaaa	ccctatatac	acagtgcccc	tatataggtt	19260
tcttttagact	ctggctctct	cagactctag	agtgtggct	ttaaaagttt	tatgttacc	19320
acagagagag	agcacgcacc	accatgtaaa	catggaacct	aagtttcaca	aatgacttc	19380
gctttatgaa	ctctgagaca	ctctgctctc	ttctgttctg	ttctatttcc	attttagaaa	19440
tgctgctcag	gaccttcaaa	atgatttgca	tgacctgcaa	cctgcagtct	gaaaaatcac	19500
tgcaactacag	aagtggccat	agagggccct	tcaaagcctt	ctgcacaatg	tcatggttaa	19560
gagtgggggt	tgaggccaag	ccgcctaggc	tcaaagcctt	tatgtgccgt	acaaccttgg	19620
caaagtcact	tcgcttgtct	gtgcctcagt	ttctttctca	cgaatgctca	taataatggt	19680

tcccatattca	ctggccttggt	gtgaggatga	aatagtggtta	ttattgagaa	gtggtaaggg	19740
tagtgatcag	tgctagcgat	catgattcta	ggtgactttt	actgtgtacc	gggtgctcac	19800
aaggccttat	gtgcacagcc	tggtgaggct	gataatacta	ttgttccctc	tttttttttt	19860
ttggaacgg	agtctcgttc	tgttgcccg	gctgggggta	cagtggcaca	atctcggctc	19920
atgcaatctc	tgctcccg	gttcacgcca	ttctcctgcc	tcagcctccc	aagtagctgg	19980
gactacaggc	gcctgccacc	acgcccggct	aatttttttg	tatttttggt	agcgacagg	20040
tttcactgtg	ttaaccagga	tggtctcgat	ctcctgacct	cgtgatccgc	ccgcctcggc	20100
ctcccaaagt	gctgggatta	caggcgtgag	ccaccgtgcc	cggcctgttc	cctcttttat	20160
agatgaagag	accagcaa	aactagtaag	tcgctgatca	ggatcacaa	atccagctga	20220
ggcactccag	agcctgagct	gttaaccatt	cagtcagggc	ctcccaagtt	tgcttaaaga	20280
taaagaatca	tggtcacagt	tgtaaaata	tacagattcc	tgggcccac	ccgcagata	20340
cttgattgcc	agctccagg	tatgggcctg	agaatctgtc	ttttagggaa	gctttcagat	20400
gatgttgtga	tcaggtgagt	tttgggaatg	gtgcccgaag	aggagtggca	gacagggcct	20460
gctcggcagg	gactagcctg	ttggagtgg	gccattgggg	ttaaggactg	ggcagcagg	20520
cctcactaac	cacagcctat	atgcctgttt	ctgaagtgtt	ggccactctc	atccagctgg	20580
tctactgtct	gctgacctag	atgatggtaa	attgtcccca	ggggtagcct	gtctagtcca	20640
gggtgcacct	ttcgcata	tcagctcctt	tccaccatca	tcccctttgt	gaggtcgtct	20700
tgattatcat	gttctttttg	cagagatgga	aacattgcct	caaattagct	ctgtcatttc	20760
ctaaggattc	cagggttctt	tagtaggggg	tctggatcct	acgtcctggg	ccatcccat	20820
catagtgcac	cacgtcacct	ccctggccag	ggaccgtggg	gtctccactt	ttttgggggtg	20880
ctccatctat	gcagggtttc	ctggaagcac	agatgctggc	acttcaggga	tgaatgaaag	20940
tctttttggg	ggatttgtag	atttttttct	tgtcttacta	gctccatttt	caaagtatt	21000
tattttgtct	ctttagtttg	cgcgataaca	atatctcaga	ccgaggcatc	tgcaagctca	21060
ttgaatgtgc	tcttcactgc	gagcaattgc	agaagttagc	gtaagtacgc	ctgggctgtg	21120
gacaatgggc	tccaagtgcc	ctggtctcac	cccaggctcg	gcagcctggg	aagctgtgag	21180
tgatgggctg	gggcaggggc	tgtttgcatt	atgggggggtg	cagggtgattc	ctgccagag	21240
gggaagggca	accctgggat	ttggtgctca	ctgtccaatg	tgctttgtct	ctgtgtctcc	21300
tctcttctgg	aactgaacag	tctattcaac	aacaaattga	ctgacggctg	tgcacactcc	21360
atggcctaagc	tccttgcatg	caggcagaac	ttcttgcatg	tgaggtgagc	ccagggtttc	21420
cttattccct	ggaaactatt	ttttgcccc	ttcctgagtc	agtctgatct	ggtcttggcc	21480
tggcactgcc	cacactggct	cctgacctcc	tgattgaatg	cagggacagt	gtctcatttt	21540
aagcagggggt	tctctaattg	tgtgatctcc	ccagtaaa	ctggactagc	tctgctgagg	21600
acttcctgtc	ttttgacctt	tagcccgtag	ggcaagaaag	cttttctagg	cccctttcct	21660
tttctgtgtc	taagagtgtc	acagctttct	ggggttactg	agttccacga	tgcatgttga	21720
gctcgtcctg	gtgggggagg	catacacagt	tacttgccac	cccagctgtg	gcagcgagtt	21780
gctgcaacac	tcccaggagg	tcctttcacc	actcagagca	tgcaagggtt	gcagtccatc	21840
tggttctgca	tttctgtctac	tccagtgtct	cccagtttca	acaggagtct	ctctctctcc	21900
tacctgatgc	ctttaaattg	cccctctagc	tgcccgctgg	gttggectgg	cttctctctc	21960
cttctctctc	tctcagatat	tcttgctctc	tgtgatttgt	gaggcagtaa	aaaaagacaa	22020
agtaagaat	tgcttccatc	tattctttta	cctcttgggc	tggtttgtg	gatgggagcc	22080
gccattttta	aatggcgggc	cacatagctc	agtctcggca	agggtactg	agatcagaac	22140
cacagggtgcc	aatttgtaca	aaggactcag	tctgtctacc	actgcctgat	ccctcagact	22200
cacaagcctg	gaataggctg	tggccagacc	tggttgggcc	atccctgaga	agggtgctag	22260
tttcagaaat	ggaggctgag	tttgtggcca	acacagtagt	cctccggtat	gtgcaggaga	22320
gatgttctaa	gacccagctg	gatgectgaa	accatggaga	gtatcaagcc	ctacacatac	22380
catgcttttc	ccaataccta	cacacctgca	ataaagtgtg	gtttataaat	taggctcagt	22440
aagagagtaa	tagcaactca	taataaaata	gaacaattat	aacaatcaat	atactataat	22500
aacactatgt	gaatgtggac	tctctccatc	tccctcaaaa	tatcttcttg	tactgtactc	22560
acccttcttc	ttgggaagat	gtgtggtggt	aaaatgcctg	tgtgatggga	ggaagtgagg	22620
tgatgacgc	atgcagcact	gtgctctagc	gctgggctgc	tgttgacctg	accacacttc	22680
agaaggagaa	tcactctgtc	ccagagatcc	ctaattctttg	agcaacaatg	aggctggcag	22740
ctggatgtca	ggagcagacg	atcttgatga	ttaccaaatg	ggagcgtata	gagcgtggat	22800
gcgctggacg	gggggctgat	tcacgtcctg	ggtgggatgg	agctggatgg	cacgtgatca	22860
gaatagcatg	caatttaaaa	tgtatgaatt	gtttatctct	agaattttcc	atttaatat	22920
tttgactgac	agttgatttc	agataactga	aaccatagaa	ggcgaagctg	cggataagca	22980
gggggcagg	attaccgtat	atcattgtaa	tagagagcac	aggctctgga	gccagactgc	23040
ccgagggttg	aaccctcatt	agctgcgtga	cctcaggtca	gcccattgtc	tgtgtgcctc	23100
cgtttccctc	tctgtagaat	ggaggttaata	accctggcta	cctcacaggc	tgtagtgtg	23160
agcaagcaag	ttaatccaca	tgaagggctg	caccgtctgg	caggggcttt	atatagtaag	23220
cgagtggctg	aaagatgatg	ggtaaatcac	acaagcactc	agcttgtttc	tccttatgtg	23280
agtccggtcc	tccaagcagg	gattcaatgt	gccacccatt	tattggggaa	aagtcctaaa	23340

aggggaagtg ggggaaggag ctgggggagg ctgggaggtg tgtccctgag tgaaggagag 23400
 aggggaaggaa ggaaggttga gactgggcac cttggacttc agtgcagtcc taagacatct 23460
 tggcaaggct gatgaggagt tcttgaacca aattcaccag gcaggggagc ctgatgtctc 23520
 aggcaggggc tggcaagtgc agatgcgagg atgttagatt ttggagcaca gcagctgggg 23580
 cccttggcta cctccaagga gctgaggctg gagacctgaa aggcgagttc tcctagctgc 23640
 cacaccctt ctccaaggat acaataatat ctgccttata ggattgttgt gagctgagtg 23700
 gcttgacgtt ccttgaaaga atgaaagcgt atagttatcc caggaagcct agggttgcag 23760
 gtgagagctc tggggcttct ccgaagctct ccgagggtgc tggattcagt tgcagcagga 23820
 gccttccttg ctgggatctt cccccacccc tagccttggc cctccctctc tccttccttt 23880
 ctggaaggct cagtgggccc caccctccc tccagccacc tggacctgcc cagcgctctt 23940
 gtgcaacagg taaagcctac ctgtagcaac aacagatctg ggaaggctgc agagggcagc 24000
 atggggctctg gatcgagggc ggctgagacc agagggaag gtgtgacctt gagtaccctt 24060
 cgctgtcccg gggaaaccac ctcccaggac agctgcctac tgtggctcct gcctggaatt 24120
 gtcacactgc tgtgcaaaaca gcgtcccgtt gcccttttcc ctttgcctgg gaaaaatgaa 24180
 gttgtgggag ccgctgagta aactagacct agcagcgagg gcacctgatg tggctgctgc 24240
 ctcccgggca ggtcttcaat gctttcttcc tgtgtttccc tggccagggc acagacggcc 24300
 ctccctttct ccttgccgct gtgttctctc agcctcctct gtcttcctt ccaggctggg 24360
 gaataactac atcactgccg cgggagccca agtgcctggc gaggggctcc gaggaacac 24420
 ctccctgcag ttcctggggt aggttggatt ccaggaagag ggacctgat ggaggggctt 24480
 gggacttttg aggttttagg ggcaggtgaa actcttcagc caggaggccc cagaggcagc 24540
 ccagctccag tggggaggac aagccaggga gagagtgggc ggcccttgac tgccaccttc 24600
 atacttggtc tatgcctgac aaacaggaag tttaggatgt tggggctagg ggaggacagt 24660
 gccacggagc tggtagacag aagccctctg atcctcaggg ggcgctaggg ctgtacttta 24720
 gctgcatatt aaaaccacct ggaagcttct aaacactatt gccaggcctc ccacccaga 24780
 ctgatgaaat gcaaatatct aggtgcaagg ccaggtatc aggagtttta aaaagcttcc 24840
 caggggatgt acagccaggg gtgaggaccc ctgacctaa aaagagaagg aaatggggaa 24900
 ggataggaag gcaccagga taagaggggc tgtgctaggt ccctcgagc tcttgctccc 24960
 tgtaggacca tgctagggcc tgccaggag gggagtacc caacctgcag cccagggtg 25020
 ggcttctctt gtttgcctag caccaggct tgacctgtg ctgtttccag cagcctctct 25080
 cctatcctgt catgccctag tgtgaactgg agtccatttg acaagaactg ggagttttag 25140
 aacctgggac tgtaggaaga gagaataacc ttagggccta ggtgttccag cccatttcac 25200
 agggaggcaa gttgccccca agctcagttt tttgttttgt tttgttttgt ttgagatgta 25260
 gtctcactct gttgcccagg cttagagtga gtggcacgat cttggctcac tgcaacctcc 25320
 gcctccttgg ttcaagcgat tcacctgcct cagcttctca agtagctggg attataggca 25380
 ccacaccaca cggccagcta atttttagt ttttagtaga gacagggttt caccatgtt 25440
 gcccggtctg tcttgaactc ctgatctcag atgatccgcc cgctcggcc tcccaaagt 25500
 ctgggattac aggtgtgagc caccgcaccc ggcccccaag ctgagtttga gccacaaat 25560
 ggactatggt gctctagaaa tcaacatctt ttccacactg cattagtagc aacagagtct 25620
 agaacaaagg aggccacagc cccactgaac tctcttctgc ttgaggtcac atctgccaca 25680
 tcaggggtat ttacctctt caacacatat ttattaggc acctgtctgg gccaggcgtt 25740
 gtgctaaaac ccccaaacgc tgtcatatga tacaaaagt tctgtaactt gcttggtttt 25800
 tttttttgtt tgtttgtttg ttttgtttgt ttttgtttgt tgttttttt tgcttcgcca 25860
 tatattatag gaattttttt aggtcattat gacctcttta ttacttaat tatctattta 25920
 tttattttac taatattttac agaaagggtc tcaactctgt acccaggctg gagtgcagt 25980
 gttgcaatca tagctcattg tagccttgaa ctctgagct caagtgatct tcctacctcg 26040
 gcctcctgag tagctgggac tacaggcaca agccaccatg cctggccgat atttttatgt 26100
 tttgtagaca cggggtctca ctatgttgcc caggctggtc tcaaaactct gggctcagg 26160
 gatcctccct cctttgcctc ccaaagtatt gggattacac aagtgagcca ccttgctcag 26220
 cctgacctca tttttcaaag agctgcagag tgttacataa tgtatttaac tggctacttt 26280
 ttgatgacta ttaagtgtt tttaggtttt ttgttattac agtgtcatat ccctggggca 26340
 cagagcagtg ctggcacata gccagagctc aatcgataca tacctaataga atgaaagtac 26400
 agtggacatc actattcagc cattctttgc taacttgtgt acatacctgt ccagggtagg 26460
 tccctagaat ctagtcaata agtcagaagg tgtgagttgg gatctacctt ttggaagg 26520
 atgttttcaa actacagtga gtcagaggag gatggccag aagctggggg agttgaagct 26580
 gatggcgtga aggaattagg ggtgttagga agaagcagga gataaagagc tagcttgag 26640
 aagaagtgtt agacttgta tgggcaggta ctggagggtg gctaaggact tgtgggtggc 26700
 agttaccagg aagcgtatct gaactaagt tcagaaaaag tgcacaact gtaaattact 26760
 ctgtcagtg agttctctgc cttaaagggt agggctgggt agcctctac tattctctaa 26820
 gtctgtaagt taagccact gaaaactctt ggggttaagt tggccatccc acccaaaaga 26880
 tggaggcagc tccactttgc tgggaccagg agceccagtg aggccactct gggattgagt 26940
 ggtcctgccc ctctggctgg gactgcagag ggaggaggac tgttagttca tgtctagaa 27000

acatatcagg	tactcactga	cactgtctgt	tgactctttt	ggccttttca	gattctgggg	27060
caacagagt	ggtgacgagg	gggcccaggc	cctggctgaa	gccttgggtg	atcaccagag	27120
cttgagggtg	ctcaggtaag	cttcagagtc	tatcctgcag	ttttcttggg	gagatcagg	27180
gaagaggagg	gagctggggc	cagttctgaa	ggtctttgaa	ctttatttct	accccaaat	27240
gttaggcaat	ggagtaagga	aaaaagacca	ttggatttca	agagaggaca	cttgagtctt	27300
tctgggtgac	ttggaatgt	cccttgtcct	ctcagggttt	tgatacagta	tctgtaaatt	27360
gaagatattg	ggctggatca	ggtacatttt	atcttaagg	ccaattccaa	tccattggtg	27420
gtgggtgccc	agtgaccac	attaaaaaga	attctaagg	tgacacctgg	cttaaagaag	27480
agcactataa	tcaattagt	atgtctaaaa	aagctaaaaa	aaaaaaaaaa	gagcactgca	27540
ttcaattagt	gatgtctaaa	aagggtagaa	aaaaaaaaaa	aaagaaaaaa	gaaagagcac	27600
cgcaatcaat	tagtgatgtc	tgaataggag	cagaccagga	gagcaccacg	aattttgccc	27660
tccataggtt	agctcatctc	tgaggctctt	ccctgctctg	acatactttt	gttccatgat	27720
tacctccagc	ctggtgggga	acaacatttg	cagtgtgggt	gccaagcct	tggcactgat	27780
gctggcaaa	aacgcatg	tagaagaact	ctggtgagtt	tggtgggattc	tctgctctgg	27840
ggaagtggat	cacaatctct	gttgatcccc	tggtcctcatc	cataggagcg	gttggtgga	27900
cagacaaaag	tggtgattg	agtgattgac	tgattgattg	attgtgtttg	tctttatatg	27960
tactgagtgg	tatgaagctt	atagagcctg	gtatgtacat	gctaattttt	ttatttaata	28020
aaatatatgg	gtttgctggt	ttggtgactg	cctccacatg	gcataagtgt	taagagcaca	28080
gactctgtaa	tcaagcaggc	cgtgatctta	ggcaagttaa	ataacaattt	cagaatctca	28140
agtttcatgt	ctgtaaaatg	agggtaagaa	tacttccaac	cataaaggat	ttttgcaaga	28200
attagataaa	gtagtgcctg	tgaagacctt	aatatagtgc	ctggcatatt	tgtaagtgt	28260
ccataaatgt	taaatagaa	taattggcagg	gttactacta	ctattactgc	tgctgtgtct	28320
gctgctgctg	ctacaactac	tatagtactg	tgactactac	tactaataaa	gttttgttat	28380
tttaaagtga	ttttgagttc	ctaggagcac	tggttattca	agtcttaggt	cattttggaa	28440
ggtgtaattg	agttttgata	gttgaaagag	gaacatgaa	tcatgcttat	actgttgacc	28500
tgaaagcagat	tctaagtttc	tcatccttta	gatgccacta	gtatagtttt	ctgacatgtt	28560
ctgggcagct	tcagattatg	tcagggagat	aaaatactga	atgtttgatt	ttcccgggaa	28620
gcagaaaggc	actgcaacat	atgggcattg	ccataaacag	attttatgga	tggaaccttg	28680
ctgttgcaag	gcttactagc	tctactcaag	tatgattgat	tctatcctga	ctggattttg	28740
ccacttgga	tttcttagta	gaggagaacc	ttgttatgag	agcatcagtt	atgattactg	28800
ttaaaagaaa	aactttaggc	aaattaaatt	tagcagaact	ggtttgaaca	tacagcaatt	28860
tatgaattgg	gcagatttca	gaactgggag	tgctccaccc	agcaaggtag	gcaagcagta	28920
tctatagaca	ggaaaaggaa	gtgatgtaca	aaacagcttg	attggttgca	gctgggcatt	28980
tgcttcttat	gggcattggt	tgatagggca	ttttctttat	atggatatag	actgatcagc	29040
tggtagactg	tgactgactg	aagcctggct	gctgtgattg	gctaagactt	agctgtttgt	29100
tataaggata	tggtgttagg	ttgcagtttg	ctacatagga	actcaaagta	cagaggcagt	29160
ctcaggccaa	atttagttta	actatagtgt	aagctgcagg	tgacagaata	cctccatcta	29220
tagagggttt	aacaaggaaa	gggtttat	tttctgtat	aggcagctgg	atgtaggcag	29280
tgtaggggtt	gtacagtggc	tacaagaggc	caggaggggt	ctcagctctg	tctcattctc	29340
ttcctgttcc	atcatcctta	gcctgttaact	tcatcaccat	ggttggttgt	ctcatgatca	29400
caggatggct	gtccagggtg	cagcactact	ctgttattcc	cggattcgat	ctatatacc	29460
aggaaagcca	tctgggttct	ctcctttaa	aagcattcct	ggaagcccca	cctgtcgact	29520
tccccttatg	tatcaaccat	gtgtatgtca	cttgaccaac	ccacttgat	gttggttgac	29580
cagccctggc	tgcaatggag	agtgggaaat	acagtttttt	caccaagtgc	atggctgtcc	29640
aatgaaatg	agacttccat	taataaggaa	gaaaggaaag	atggagatca	ggaagctggg	29700
ggatcaggga	acttattaca	ttgagagccc	ttggagtga	ttctcttgca	aatatgtccc	29760
tggaattgag	aatccccaca	acgtctttat	ctgtcttttc	tttatccatg	agtttggtgt	29820
ttcagatgtt	ggatttccta	tatggggggc	atgtgagttc	atcatcttcc	ataatcaatg	29880
ttgtatcaac	tggttttct	ctcttcttct	caccagcctg	gaggagaacc	atctccagga	29940
tgaaaggtga	tggtctctcg	cagaaggact	gaagaaaaat	tcaagtttga	aaatcctgaa	30000
gtaaggaacc	cataagcagg	aaacaggaca	ataattgctg	gccttggaa	ggggcatttc	30060
tgattaagat	ctgggcccgt	ctccgctggg	ctaactcatg	tgagggtggc	tggtagaaac	30120
gcttgccctg	gtctagggtg	acaaggatc	cagtgcaggt	tggttatctg	ggagggtgtc	30180
ccagtaaatg	ctgataggag	agtgggtga	tgagatggg	aagtgaagg	aaccaataaa	30240
ggggagttat	caagccagtt	atcaatgagg	gaaattggag	ctcagtactc	tggggcactc	30300
ctggagccag	tgcaaacac	acatggtcac	ctaccaacc	aatgggcaag	aaagccatgg	30360
catttatcca	ccaacctct	gtccttccta	tggtgatgtg	cgctcatggg	gcaactgattc	30420
tccagcactt	ccagctcacc	ctcaccagc	tgaacatgct	tctggggtca	ggagaatggc	30480
ctcaggcaga	gagtggcagg	tcttctctgc	aagcagtggc	tggggagggtg	atgtgatggg	30540
gagtactgtg	gcctcctcca	gtggctgact	cagtggcttg	ggacttgtgc	cacaaagaga	30600
tggaagcctc	aggtgaacat	gaaccacct	atgaccatc	atgggtttgt	cagggtgtctc	30660

tctgaggctg	atgccaaaat	tcttattttca	agtagacctc	aggaacccca	tcagatggct	30720
ccttttgctg	gaggaaagt	gcatctgcct	aggcaaatgt	ggctcctagga	aaacgcttgc	30780
cttttagagac	agacagacag	acagctgcct	ctgtgagtgc	cagctttgct	gccaggctgc	30840
taccactct	ggcgacactc	atttgtgttg	ctttcacaa	ctaggaagtt	tccaaatatt	30900
tggagaaaac	acttccacta	attattttggg	tggaaatggg	ctgggaagtt	ggggtgaagc	30960
ccggatgtgt	ctgagccaga	tgccagcttt	gcactgaggg	tcggcctttg	ggaataccaa	31020
gcccattatc	aaccaggtgt	ggatatggca	ggtttgcctt	ccctccttgt	cacagcctta	31080
ctccacttga	ctcccatgga	tgccaggcaa	tgaggctggg	gttggtccca	tgccaccctg	31140
tcatacgcct	tatttttcag	catcctaaac	tatatcatcc	cccacaaaa	ttgaacttct	31200
gatatatcct	tataaaaaa	gagaaatgcc	tacatctttc	ttttccagga	ttagtttctg	31260
ccaagagttg	gttgagagcc	caggtctgct	gggtgcagt	gctcacacct	gtaatccag	31320
cactttggga	ggctgaggcg	ggtggatcac	ctgaggtggg	gagttccata	ccagcctgac	31380
caacatggag	aaaccccatc	tctactaaaa	atacaaaatt	agccgggcgt	ggtggcatac	31440
acctgtaatc	ccatctactc	aggaagctga	ggcaggagaa	tcacttgaac	ctgggagggtg	31500
gaggttgcca	tgagccaaga	tcacaccatt	gcaccctaga	ctggacaaga	gagaaacttc	31560
catctcaaaa	aaaaaaaaa	ggatgagaaa	aataataatt	taaaaaaaag	agtcaggct	31620
ctggaaccag	acagcctggg	tcttaccctt	gctccacat	taccagccag	ttcttcttgg	31680
atgagtgcct	cagttgcctc	aagtgtaaat	ggagataatg	gctggacctt	cattataggc	31740
catgagcatt	cactgagaga	atgtagctaa	caaaagtggg	ttgtagggtt	gagcaaaagt	31800
aattgtggtt	tcagaccatg	aactttaaat	tattataact	aggctaaaat	acatctttat	31860
taatcaaaat	aggaaccatt	aaaatcaaca	catttttgcc	aataagaaat	aagtttgttt	31920
attcctgtag	cataaaaaat	catgcttcgg	gattcaacaa	actcttgga	agcattttct	31980
gcacctcct	ggttgtggaa	gcatttttcc	tgcaaaaagt	tgtcaagatt	cttgaagaaa	32040
tggtagttag	ttggctagag	gtcaggtaaa	tatggcggat	gaggcaaaac	ttcatagtcc	32100
aattcattca	acttttgaag	ctttggttgt	gtgacatgca	gtccggttgt	tgctcgaggag	32160
aattggaccc	tttctgttga	cgaatgccgg	ttgcaggtgt	tgcaagtttc	agtgcatctc	32220
attgacttgc	cgagcatact	tctcatatgt	aatggtttcg	cagggattca	gaaagctgta	32280
ggggatcaga	ctagcagcag	accaccagtg	accatgacct	tttttttttg	gtgcgaattt	32340
gcctttggga	agtgccttgg	agcttcttct	cgggtccaacc	actgagctag	tcattgccag	32400
ttgtataaaa	tccacttttc	atcgacgtc	acaatcagat	caagaaatgg	ttcgctgttg	32460
ttgtgtagaa	taagagaaga	tgacacttca	aaatgacgat	tttcttggtt	ttcactcagc	32520
tcatgaggca	cacacttatc	gaggtttttc	acctttccaa	tttgcttcaa	atgctgaatg	32580
accatggaat	ggtcgatgtt	gagttctcaa	gtagtgttaa	gaaaatcagc	tttgatgatt	32640
gctctcaatt	ggtcattgtc	agcttctgat	ggcctgccag	tacactcctc	atcttcaagg	32700
ctcttatctc	cttcgcaaaa	cttcttgaac	caccactgca	ctatacgta	gttagcagtt	32760
cctgggcaaa	atgcattgct	gatgttgtga	gttgctctcg	ctgctttaca	acccattttg	32820
aattcaata	agaaaattgc	ttgaatttgc	tttttgtcta	acatcatttt	catagtctaa	32880
aataaata	aaataaacag	aaagtattaa	gtcattagca	aaaaatcata	aagtgagaat	32940
tgtgcattaa	aatgagtgtat	agcataacca	catttattta	agaatgtatt	ccaatatcaa	33000
atggcaaat	tcaacaatgc	aaaaactgca	attacttttg	caccaatcta	atagaagttc	33060
aataaatact	ggcaattaca	attggcattg	ccttagggtc	aaacttgaag	acattcctga	33120
aatttgtggga	aagggggagg	acctggagtg	gacattattg	gaaggcaag	ctgtaaccaa	33180
aagagcaacc	tgggaaacac	atgactcctc	tggtgctgtc	cctggcccta	tcctgtctcc	33240
cctccctggt	gtcagctacc	tcatatgttc	tctaactctc	gtctctgtgc	cctcaaagac	33300
ccccctgaaa	atagaaatat	tactgctcat	tggttatttt	ctatcaatta	agtactgtat	33360
tagtccggtt	tcattgctgat	gataaagata	taccaagac	tgggcacttt	atgaaagaaa	33420
gagttttatt	gaacttacag	ttccacgtgg	ctggggaggt	ctcacaatca	tggtggaagg	33480
tgaaaggcac	atctcacatg	gcagcagaca	ggagaagagg	gcttggttcag	ggaaactccc	33540
ctttttaaaa	ccatcagata	tcatgaaact	tatttactgt	aatgagaaca	ggatgggatt	33600
caattacctt	ccactgggtc	gctccacaaa	cacgtgggaa	ttcaagagat	ttgggtgggg	33660
acacagccaa	accatatcaa	gtactgtgca	agtgttttag	gcattgcagag	agtgggtggg	33720
cttccagca	agcagagtgt	ggggaggtaa	tgggggactg	gtggctgact	taatggccca	33780
ggacccatgc	cacaaggaga	tggtggtgg	atgtgaatag	gagcctgctt	acacccatca	33840
caatttagat	tcttatgctc	gatggcacgg	gtactctttt	aggccatttt	taccaatgag	33900
gagattggga	ctaatttgct	cgagatcaaa	aaagaagtgg	tgtaggtggg	atttaaaacc	33960
aggatgtcta	gcactaaaa	gcaggtactt	aaccactatc	ctaaggaggt	ggctacttaa	34020
tttgataaac	tcacttagtg	aatgggaagag	agacggttac	atttctactga	tggtactgag	34080
cctttgttga	tgagctcatt	gggaatctca	gacatgagca	ggatgtgtct	aagggaacag	34140
tggtgttcag	tagactggct	aactcctgca	gtctctttta	ctggacagtt	tcaagaggaa	34200
aaccaagaat	ccttgaagct	caccattgtta	tcttcttttc	caggttgtcc	aataactgca	34260
tcacctacct	aggggcagaa	gccctcctgc	aggcccttga	aaggaaatgac	accatcctgg	34320

```

aagtctggta aggccctgg gcaggcctgt tttagctctc cgaacctcag tttttctatc 34380
tgtaaaatgg ggtgacggga gagaggaatg gcagaatttt gaggatccct tctgattctg 34440
acattcagtg agaattgattc tgcattgtgaa ggatctgatt ctctgtctaa gaaagaagtc 34500
tttacctctt taagttagga gcaatgattt cattttttaa ccttgactat ttattcagca 34560
acttctctgc tctatgagat agtgtaggaa tggggatgtg gttgaagaat gaaaagaaaa 34620
gtcagctccc gccctcctag aaattgcatc tgccttcaca ggtcaaggat attggatcag 34680
accttctgcg gttctgaatg gagattacac aggttaggag caggttgcac agtgtttcca 34740
attctctata attaaagcca tagactttca tgtattgaaa aaagcaagaa ttgcattctt 34800
gacagattct ttcattgcct taaaaagaat gactagcctt gggagtctgg gcagctgggt 34860
ccagtgttgt agactttctc tctgctgagc cacagcttca aagatttgtc cttcttgttt 34920
ccagggatct atttctcaga caataagtaa aggccttccc tggcctaagt tgctgtaagt 34980
gaatgctact atatatgttc caggcactgg gctagagact aatattttaa agccaggaaa 35040
tttctatag aaaatctata tctcagggtt ttctcaaaag agctgggaac tctggatgcc 35100
cattcatgat tccagtagtt aaccagagta caagaagggc tgagtcttct cagatgggca 35160
aaccactct ggctgactgc agatccacca agcctattgt cttagaccag gaccttttgg 35220
caactcattc ccataagcct gtgaccttg ctttaaata gcaggccttg tcttctctca 35280
aaaagcacat caaggctgca gcgaatgcag atatcaaatg atgaagttaa aaacaaaagc 35340
tttgtctggc gtggcagctc acacctgtaa tcttagcact ttgggaggct gaggcaggag 35400
gatcacttta ggccagaggt tcaacaccag acctgtgtct tcaaaaaata aaaaattcag 35460
ctgggtgcgg tgtagtctct agccacttgg gaggtctgga tggaaaggatc ccttgaacct 35520
aggagttaa ggctgcagtg ggcatgatt gcactactgc acaggcgaca gaattagatc 35580
ccatctctta aaaaaataaa aaatttaaaa gtgacttcaa aaatctatgc tgtgatggag 35640
agatttttcc tctgtatga ttgtgatagc tctgtggcct atgacgtcat caggttcttg 35700
gcaaagtgtg ggttttctgt ttctttgttt ttgaaacct tgcacagtcc taagaaacat 35760
cacattcttg gtctctggca ccagccaaca tgaggtgagg gcaccagggt ttgctcattg 35820
cattcttgac agattctctt attgccttaa aaagaatcac tggccttggg gagtctgttg 35880
ctggctgggt gcagtgttgt ggactctctc tgcagagtca tggagccttg ttcagaatgc 35940
ttctgagct gccctggttg gccaaaggta aaaacagccc tgacttccct gcaagaaaca 36000
ctgcagctgg gccagagagt cagcccatcc caggcatggg tttaaaaagt ggaggctttt 36060
gtttgaaagc cctgtcttaa tttgtctcct actcaaacct ctgttcaact gatctgctt 36120
aggctccgag ggaacacttt ctctctagag gaggttgaca agctcggtg cagggaacac 36180
agactcttgc tttgaagtct ccgggaggat gttcgtctca gtttgtttgt gagcaggctg 36240
tgagtttggg cccagaggc tgggtgacat gtgttgagc cctcttcaaa atgagccctg 36300
tctgcctaa ggctgaactt gttttctggg aacaccatag gtcaccttta ttctggcaga 36360
ggagggagca tcagtgcctt ccaggataga cttttcccaa gcctactttt gccattgact 36420
tcttcccaag attcaatccc aggatgtaca aggacagccc ctctccata gtatgggact 36480
ggcctctgct gatectcca ggcttccgtg tgggtcagtg gggcccatgg atgtgcttgt 36540
taactgagtg ccttttggtg gagaggccc gcctctcaca aaagaccctt taccactgct 36600
ctgatgaaga ggagtacaca gaacacataa ttcaggaagc agcttccccc atgtctcgac 36660
tcatccatcc aggcatttcc ccgtctctgg ttccctccct cctcctggac tctgcacac 36720
gtccttccct ctgaggctga aattcagaat attagtgacc tcagctttga tatttcaact 36780
acagcaccce caacctggc acccagggtg ggaagggcta cacttagcc tgccctcctt 36840
tccggtgttt aagacatttt tggaagggga cactgacag ccgtttgttc cccaagacat 36900
tctaggtttg caagaaaaat atgaccacac tccagctggg atcacatgtg gacttttatt 36960
tccagtgaat tcagttactc ttcagttaag cctttggaaa cagctcgact ttaaaaagct 37020
ccaatgcag ctttaaaaaa ttaatctggg ccagaatttc aaacggcctc actaggcttc 37080
tggttgatgc ctgtgaactg aactctgaca acagacttct gaaatagacc cacaagaggc 37140
agttccattt catttgtgcc agaatgcttt aggatgtaca gttatggatt gaaagttaac 37200
aggaaaaaaa attaggcgt tccttcaaag caaatgtctt cctggattat tcaaatgat 37260
gtatgttgaa gcctttgtaa attgtcagat gctgtgcaaa tgttattatt ttaaacatta 37320
tgatgtgtga aaactggtta atatttatag gtcactttgt ttactgtct taagtttata 37380
ctcttataga caacatggcc gtgaacttta tgctgtaaat aatcagaggg gaataaactg 37440
ttg 37443

```

<210> 4

<211> 1315

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (117)..(1118)

<400> 4

```

cgatcagaag caggtcacac agcctgtttc ctgttttcaa acggggaact tagaaagtgg 60
cagcccctcg gcttgctgcc ggagctgaga accaagagct cgaaggggcc atatga cac 119
                                                    His
                                                    1

tcc tcc cgg acc cct gga cac aca cag ccc tgg aga ctg gag cct tgg 167
Ser Ser Arg Thr Pro Gly His Thr Gln Pro Trp Arg Leu Glu Pro Trp
                    5                      10                      15

agc atg gca agt cca gag cac cct ggg agc cct ggc tgc atg gga ccc 215
Ser Met Ala Ser Pro Glu His Pro Gly Ser Pro Gly Cys Met Gly Pro
                    20                      25                      30

ata acc cag tgc acg gca agg acc cag cag gaa gca cca gcc act ggc 263
Ile Thr Gln Cys Thr Ala Arg Thr Gln Gln Glu Ala Pro Ala Thr Gly
                    35                      40                      45

ccc gac ctc ccg cac cca gga cct gac ggg cac tta gac aca cac agt 311
Pro Asp Leu Pro His Pro Gly Pro Asp Gly His Leu Asp Thr His Ser
                    50                      55                      60                      65

ggc ctg agc tcc aac tcc agc atg acc acg cgg gag ctt cag cag tac 359
Gly Leu Ser Ser Asn Ser Ser Met Thr Thr Arg Glu Leu Gln Gln Tyr
                    70                      75                      80

tgg cag aac cag aaa tgc cgc tgg aag cac gtc aaa ctg ctc ttt gag 407
Trp Gln Asn Gln Lys Cys Arg Trp Lys His Val Lys Leu Leu Phe Glu
                    85                      90                      95

att gct tca gct cgc atc gag gag aga aaa gtc tct aag ttt gtg gtg 455
Ile Ala Ser Ala Arg Ile Glu Glu Arg Lys Val Ser Lys Phe Val Val
                    100                      105                      110

tac caa atc atc gtc atc cag act ggg agc ttt gac aac aac aag gcc 503
Tyr Gln Ile Ile Val Ile Gln Thr Gly Ser Phe Asp Asn Asn Lys Ala
                    115                      120                      125

gtc ctg gaa cgg cgc tat tcc gac ttc gcg aag ctc cag aaa gcg ctg 551
Val Leu Glu Arg Arg Tyr Ser Asp Phe Ala Lys Leu Gln Lys Ala Leu
                    130                      135                      140                      145

ctg aag acg ttc agg gag gag atc gaa gac gtg gag ttt ccc agg aag 599
Leu Lys Thr Phe Arg Glu Glu Ile Glu Asp Val Glu Phe Pro Arg Lys
                    150                      155                      160

cac ctg act ggg aac ttc gct gag gag atg atc tgt gag cgt cgg cgc 647
His Leu Thr Gly Asn Phe Ala Glu Glu Met Ile Cys Glu Arg Arg Arg
                    165                      170                      175

gcc ctg cag gag tac ctg ggc ctg ctc tac gcc atc cgc tgc gtg cgc 695
Ala Leu Gln Glu Tyr Leu Gly Leu Leu Tyr Ala Ile Arg Cys Val Arg
                    180                      185                      190

cgc tcc cgg gag ttc ctg gac ttc ctc acg cgg ccg gag ctg cgc gag 743
Arg Ser Arg Glu Phe Leu Asp Phe Leu Thr Arg Pro Glu Leu Arg Glu
                    195                      200                      205

```


gct ttc ggc tgc ctg cgg gcc ggc cag tac ccg cgc gcc ctg gag ctg 791
 Ala Phe Gly Cys Leu Arg Ala Gly Gln Tyr Pro Arg Ala Leu Glu Leu
 210 215 220 225
 ctg ctg cgc gtg ctg ccg ctg cag gag aag ctc acc gcc cac tgc cct 839
 Leu Leu Arg Val Leu Pro Leu Gln Glu Lys Leu Thr Ala His Cys Pro
 230 235 240
 gcg gcc gcc gtc ccg gcc ctg tgc gcc gtg ctg ctg tgc cac cgc gac 887
 Ala Ala Ala Val Pro Ala Leu Cys Ala Val Leu Leu Cys His Arg Asp
 245 250 255
 ctc gac cgc ccc gcc gag gcc ttc gcg gcc gga gag agg gcc ctg cag 935
 Leu Asp Arg Pro Ala Glu Ala Phe Ala Ala Gly Glu Arg Ala Leu Gln
 260 265 270
 cgc ctg cag gcc cgg gag gcc cat cgc tac tat gcg cct ctg ctg gac 983
 Arg Leu Gln Ala Arg Glu Gly His Arg Tyr Tyr Ala Pro Leu Leu Asp
 275 280 285
 gcc atg gtc cgc ctg gcc tac gcg ctg gcc aag gac ttc gtg act ctg 1031
 Ala Met Val Arg Leu Ala Tyr Ala Leu Gly Lys Asp Phe Val Thr Leu
 290 295 300 305
 cag gag agg ctg gag gag agc cag ctc cgg agg ccc acg ccc cga gcc 1079
 Gln Glu Arg Leu Glu Glu Ser Gln Leu Arg Arg Pro Thr Pro Arg Gly
 310 315 320
 atc acc ctg aag gag ctc act gtg cga gaa tac ctg cac tgagccggcc 1128
 Ile Thr Leu Lys Glu Leu Thr Val Arg Glu Tyr Leu His
 325 330
 tgggaccccg cagggacgct ggagatttgg ggtcaccatg gctcacagtg ggctgttttg 1188
 gggttttttt tttttttttt cctttttttt tttgttattt gagacagtct tgctctgtca 1248
 cccagactga agtgcagtgg ctcaattatg totcactgca gcctcaaact cctggggcaca 1308
 agcaatc 1315

<210> 5
 <211> 334
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 5
 His Ser Ser Arg Thr Pro Gly His Thr Gln Pro Trp Arg Leu Glu Pro
 1 5 10 15
 Trp Ser Met Ala Ser Pro Glu His Pro Gly Ser Pro Gly Cys Met Gly
 20 25 30
 Pro Ile Thr Gln Cys Thr Ala Arg Thr Gln Gln Glu Ala Pro Ala Thr
 35 40 45
 Gly Pro Asp Leu Pro His Pro Gly Pro Asp Gly His Leu Asp Thr His
 50 55 60
 Ser Gly Leu Ser Ser Asn Ser Ser Met Thr Thr Arg Glu Leu Gln Gln

65		70		75		80
Tyr Trp Gln Asn Gln Lys Cys Arg Trp Lys His Val Lys Leu Leu Phe						
	85			90		95
Glu Ile Ala Ser Ala Arg Ile Glu Glu Arg Lys Val Ser Lys Phe Val						
	100			105		110
Val Tyr Gln Ile Ile Val Ile Gln Thr Gly Ser Phe Asp Asn Asn Lys						
	115			120		125
Ala Val Leu Glu Arg Arg Tyr Ser Asp Phe Ala Lys Leu Gln Lys Ala						
	130			135		140
Leu Leu Lys Thr Phe Arg Glu Glu Ile Glu Asp Val Glu Phe Pro Arg						
145		150		155		160
Lys His Leu Thr Gly Asn Phe Ala Glu Glu Met Ile Cys Glu Arg Arg						
	165			170		175
Arg Ala Leu Gln Glu Tyr Leu Gly Leu Leu Tyr Ala Ile Arg Cys Val						
	180			185		190
Arg Arg Ser Arg Glu Phe Leu Asp Phe Leu Thr Arg Pro Glu Leu Arg						
	195			200		205
Glu Ala Phe Gly Cys Leu Arg Ala Gly Gln Tyr Pro Arg Ala Leu Glu						
	210			215		220
Leu Leu Leu Arg Val Leu Pro Leu Gln Glu Lys Leu Thr Ala His Cys						
225		230		235		240
Pro Ala Ala Ala Val Pro Ala Leu Cys Ala Val Leu Leu Cys His Arg						
	245			250		255
Asp Leu Asp Arg Pro Ala Glu Ala Phe Ala Ala Gly Glu Arg Ala Leu						
	260			265		270
Gln Arg Leu Gln Ala Arg Glu Gly His Arg Tyr Tyr Ala Pro Leu Leu						
	275			280		285
Asp Ala Met Val Arg Leu Ala Tyr Ala Leu Gly Lys Asp Phe Val Thr						
290		295		300		
Leu Gln Glu Arg Leu Glu Glu Ser Gln Leu Arg Arg Pro Thr Pro Arg						
305		310		315		320
Gly Ile Thr Leu Lys Glu Leu Thr Val Arg Glu Tyr Leu His						
	325			330		

<210> 6
 <211> 8135
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> exon
 <222> (1)..(161)

<220>
 <221> exon
 <222> (3812)..(3950)

<220>
 <221> exon
 <222> (5426)..(5577)

<220>
 <221> exon
 <222> (7273)..(8135)

<400> 6
 cgatcagaag caggtcacac agcctgtttc ctgttttcaa acggggaact tagaaagtgg 60
 cagccccctcg gcttgtcgcc ggagctgaga accaagagct cgaaggggcc atatgacact 120
 cctcccgagc ccctggacac acacagccct ggagactgga ggtcagtatt tgatcccaag 180
 ctgagctgtc ctctgectgc tgtggcctga gtccccctct cctggggccc tgccctggcag 240
 ctgctggggg caggggtgga gggggaagag ttagtgacag ccgctgtgtc tggagctctc 300
 cttagcacac tgaggcagag gaagggacag ctccctggacc ttccatcacc tccattccctt 360
 ttgaaatgct aggcgctgtg acaacccatc ttgggcctgg agaataagtc accacacctg 420
 tgttttctaa aagaacagtg tcagggaacc cctgcctcag cacagcctta gaggactcat 480
 ggaaaaatgca gaatccaggc ctgttcaatg gcaccttcct atgttagcag ccaggaaacc 540
 tgctcttgga caagccctcg ggatcccacc cccacccacc caggggattc ttacacacac 600
 tgggttgagg gcccttggtc ttggcaaggc ttctcaggtg agcgtccagt tgttgaggag 660
 taccacccct ttccccaaga gaggcagcca cacatccaac atcctgggat ctctgtctcc 720
 cagcgtgggc catgtgcttt atttcacccc ctagaggctc atcccccatg aaaagtcctc 780
 cgcaggccct cagaaagata gtgtgacctc tgtgtgccc gcagaagaag gactggactt 840
 ggcagtcagc tcttgagag ggggtgggta ggacacctgg ggacaggagg aggagaatga 900
 ctgtctgtgc acacacggct ggaaggatca ggaggctggg aagctgctct gtcccctggg 960
 ccaactacag gccccaggc caacagcaac aacactttta gtattttgtt ataaagtcaa 1020
 gaaatctttg ctacagaggg tgaggagagg gaaggaaagg gccatggaac cgtctatgtg 1080
 gctatcccca gagagctttt agagtgcag gattgctttc ccatttcaca gatgaggaaa 1140
 ctgaggcctg gagaggatg ggaagctacc caaggcccca tggatacacc agtgcacaac 1200
 tctttccttc cccctcctct ttaaatgggt gattcccaat gaaacctgta agagacaacc 1260
 ataaggagca tgactgtggc tgcgtgaattt gattttattc taaggcctgg ttttataatc 1320
 agctttctca gcttttactg gagtgtcaag ccgaggcatc atttctaggg tcttacaggg 1380
 tctctgggcc aatagtgcc tgctctgtac ctggagccag ctgcctgtc atgaaagcag 1440
 atctgcaaag gctggggccc ctgaggccaa ggccactcgc catcacccat tttacagaag 1500
 tgctgagcat aggagtgcc tgggccccca agaatcccag ccaccaagaa tcacgtaaac 1560
 catccactgt ctcaattagg caccagtcag aatgtaggga acccaccct agtcatccat 1620
 catcttatca acaggacggg gcttgtagcc acatttatca ggtagggaaa ctgaagccta 1680
 gagatattaa agcacttgct taaggacaca cggttggtca ggtggaagg cgatgtctcc 1740
 tgactccctg acaggcaca gagacaagg agagtgccc gtgacggcat gctcaagaac 1800
 gtgcagccct gggccagcca ggcccctgct ccgtgcctct gtttgccat ctgtaaaagg 1860
 tgagggtgga tcgagggtcc ctgagggccg cccactggat ggctgtgcag agccaaacgg 1920
 agaaggcccc agggttcctt tcaccogaca cagcaagcac ttcccctga agtgcaggct 1980
 ccaggcccca gctgacctcc cctctcccag gccagcggct ctacccctg gagcaaggga 2040
 caggcgctgg ctgtgctcag ggacatgcat gactccgccc cccatctgtg ctgagggggt 2100
 gccagggagg cactggctct atctttctct aggcctagt cagcccagg gttcagacca 2160
 agagccpaga atccaacaga tcagagttca agtcccagct ctacctctat gttccactgg 2220
 cagcttcctc aggtcatctg caccttcctt gtcttgaatt tccatgccta accagtatac 2280
 cagctactcc ctccagccga tctaattgtt taattgtccc tttctctaag ttgtctcaaa 2340
 catttgtaat tctattccaa tccaccttaa tttagtcat tatttcacaa atatttctgg 2400
 aaacatctag cacttaacag aactaaagg cgggggtact acacagtcct tgggatggac 2460
 agggccctga gctgaggctt cagagtctgc ctgactgaat cctcaccoca gccttgtaga 2520
 cgtgggttct gttattatcc ccaatttata ggaaacagaa gcacagagaa gttgagtcac 2580
 ttgccagcta ccaggctatc ccttccactt atccgggtca cagacagagt tattatgtaa 2640
 accagatccc agctgcctgt tctccctccc tgagtaagg ggagagaatt ctgaagtcag 2700
 ccagccctgg gctgtatcc tgcccaccac tcaccagctc ctcatcttgg gcaactctaa 2760
 gtctcagttc ccttatcata aaaggagat gtaaacagtc ctgagtgcag acagtgttca 2820
 ggtagtgca agagtgtgtg ctgggtgtga agtgcacagc cagcacgtca caagcactgg 2880

agacaaattc agctttgctt gttgcgcaca ctcaccagct gcgtgacttt agacctcagt 2940
 tttctcatct gttatgtggt ggtaatgata gacttttctg agcattaaac tagattaggg 3000
 gctatggaga acctagatgg gtatgaagtg ggtataataa gctatcagtt aattttgctg 3060
 atagatagat tattgattga ttgatcgata gaagattcat accagtatct acctgctctg 3120
 aacactgacc tttctttttt tctttttgag atggctctgt tctgtcacc agactggagt 3180
 gcagtggcat catcatagct cactgcagcc tcagtctctt gggcttaagg gatcctcctg 3240
 tctcagcctc ccaagtagct gggaccacag gcgtgcatcc tggataaatt ttttttattt 3300
 tttctagaga cggggtctca ctacattggc caggctggtc tcaaattcct gggctcaagt 3360
 gatccttcta acccagcctc ccaaagcgct gggattacag gcatgagtgg ccatgttcaa 3420
 cttgaacact gagacttcat tcgcatgtgt aacataaaac tgagtatcta gacaagccag 3480
 catctttctt tcaagtaatc actaaagcca atacttttac ttgaaatcat ctcatttaaa 3540
 actctgagca atacgtaagg atcacctcaa taacatatgg atcatcgcaa taggtgaagg 3600
 gtcttctctg ccttgagta acctgccag caaaggggca gaccagatt tgggatctgg 3660
 cagctgggag agtggggaag gttgagccgt ggggcccttg tcattccctc tgcctgccag 3720
 gagggggcat gacacagctc ctaggcacc caggagccac cggaacccc aactggagt 3780
 ggtcctcact gttctctttt tctctggca gccttgagc atggcaagtc cagagcacc 3840
 tgggagccct ggctgcatgg gaccataaac ccagtgcag gcaaggacc agcaggagg 3900
 accagccact ggccccgacc tcccgcacc aggactgac gggcacttag gtgggcttga 3960
 ggcttgagac tcggtctggg ggagaggtct gaagacattc aaagtacaaa tgtgggtcac 4020
 tttgggggat cgagcaagag gcccgggcag ctcttgtaac ttgggttatc ccaaaacaga 4080
 cactgagaca cagatctagt gcaagctgtt tatccgggag acggtcctag gagtcatggc 4140
 aggggagtg gaaatggaag aaagggcaag aggccagggc aggacatcag tgaacagata 4200
 ggcacggtag gtggctgaag ctcaacccca gcgggggtct tctgggagac cctggaacat 4260
 atctctgggt tgcctatcc taggggtgag gaagccgggc tgttatctac cagtctgcc 4320
 ctgcatagga gaaggagcgc tctgggcct gctgctatgg ccctagaaag cctcaggga 4380
 agccagtggc atgttctgga aaagtgggtg ccaagagggc acggtccagc ctggggcatg 4440
 gacagcatct gctgtagtgc catctcctgg aacagatctt ttcttacagt ccttcgagat 4500
 gccctattca atacctgctc tgttccctgg cctatgcagg gcaactggaga aacagaaca 4560
 ggaagaaatc aaacactgca ctagtctga ggtttgtag agaaacagat cagtgagaaa 4620
 cagttacacg tgccacgaga aataaataaa taaaatgaaa aacctgtagg aacaaggtg 4680
 gaagctctta ctctaagcc aaggggcatt tgcagtgtg tgggggctgg gtcttgaagg 4740
 gtagactgga aaagggctgg gacccatgcc ctttgcaata aaatgcaca ttatttgtgc 4800
 ttcttaagaa cctcagagt ggcagggct caagtgggt ttaagaaaca ctgtgttctg 4860
 tttccaggcg tggaaataga ggggttgatg caaggcagag cagtgcacgt ccgagaagag 4920
 cccggcatgt gggcagttag atgagaaggt taggaagggc cagcccgctg aggtggaac 4980
 ataacatcct cctcactgcc tcccctgcc actgatgtgt gctcaaggag tctgggcaac 5040
 agtcacgaag tcagggtctg agggagcaca gaaacacaca agccaccgtc tctgctgtgc 5100
 cagagcaggg atttcacat ggccaatcta cagaccagaa gtggacgatg caaagtgcc 5160
 gcaccgcat ccaaagctgt gaaaccactt gggggtgatg ggctatttgg gattgtcgg 5220
 ggtagggtgg attctgccag gctgggcaca gaggctctgt tgatgcccc attgggcta 5280
 taaatggcgg ggtgggagag agggatattc aatactcttc aggagtctg atatgccatc 5340
 tcagatagac ccagccatct ccccaagccc atgcctcgga agtgactga cagggtgcag 5400
 atccttaagg gtgttgcct tccagacaca cacagtggcc tgagctccaa ctccagcatg 5460
 accacggcg agcttcagca gtactggcag aaccagaaat gccgctggaa gcacgtcaa 5520
 ctgctctttg agatcgcttc agctcgcatc gaggagagaa aagtctctaa gtttgtgta 5580
 agcagagatt gggaaatgg ggagcctctt tcaactgtgt tccctcctgg ccctgaataa 5640
 gtctttaga gccctcagggt tcccactat gaaatgggtc aacacactaa ctacagctt 5700
 tcttctggag aaaatggcca aagagcaaga ttccaggctc agcacctgct agggctctgt 5760
 aggatcgaa ccatataagt catatttctt ggtcccaaga aggaaatagc ccagttaaat 5820
 cccatcttat cagggtgcag tcacctgtgt cctttcttca ccaattttgc catatcactg 5880
 tatctgttct aattattatt acttattttt ttctttaaat tggatcactt tttaaaaaca 5940
 tgaagcacat ttatttcaa gagaaatacc ttaaattgga aaccaatc acatggcaca 6000
 aagcaaaagt aacatactag aaaagtctg atcaaggaaag tcaatacaag gaaagctatg 6060
 tgctgttatt aaattctagc tggttactgt ggcttcggga aagccctgtg cctgggagct 6120
 gctcctctcc ctgttagaat ggaattttag ctgtgttaa gggatgttaa agatgccta 6180
 agagccacac ttcatccttc tccctcactt acctgggacc gggataaata acatagcta 6240
 cactgaatgc caatggcatg ccgggcacag ctccatgttg tttcagtga ttaactcatt 6300
 taatcctcac tgggtgagg aggcactatg cctatccttg ttttatgaat gaaaaagt 6360
 agactcggag aggttaaat actcatctaa aaccacacag cttagacctg gtagggctat 6420
 aattacaacc catgcaatct ggctctggag tcagatgcat gggttataat tgcccttaat 6480
 atataattgc ccgtaatcag gattctcttg aaagatgatt gaaaaggatt gattttctta 6540

```

ccatataacg gcatcaccag tgtacctaaa tgatgttata ttgtacgtaa aactaattcc 6600
caagtgtgaa acatttggaa aacacagcat ctgagttcag aaaacagagg cccagtttta 6660
gcaagtaaaag ccaagaggga ccccagcagc ctgcaggcca ggaccctctg ccctttctcc 6720
tcccagatgt cccacacctg ctgtgttggt gtccagggt tgactcagct gatgccaata 6780
gcaattttaa acagaattgg gccagggtgca gtggctcatg cctgtaatcc cagcactttg 6840
ggaggcccag gtaggaggat cgcttgagcc caggagttgg agaccagcct gggcaacaca 6900
gccagacccc atctttttaa aagaatcaaa aaatctgcca ggtagtgggt gtgcctgtag 6960
tcccagctac tcaggaggct cagggtggga ggtaattga gcccataagt tcaagggtgc 7020
agtggaggtat gatcgcatca ctgtactcca gcctgggtaa cagtgcgaga ccctgtctct 7080
aaaaataaat aaataataaa ataaataaat aaataaacia acaacaaaac aaacaaaaca 7140
tcaattgcat ataaggatcg cccgttttca gggcatgctt tacaccggcc tggtttaact 7200
tactctgggt gtgctccgct cgccgcagcc ccgcccggga ggtggccaca gctctctctg 7260
gttgccgccct aggtgtacca aatcatcgct atccagactg ggagctttga caacaacaag 7320
gccgtcctgg aacggcgcta ttccgacttc gcgaagctcc agaaagcgct gctgaagacg 7380
ttcaggaggag agatcgaaga cgtggagttt cccaggaagc acctgactgg gaacttcgct 7440
gaggagatga tctgtgagcg tcggcgcgcc ctgcaggagt acctgggctt gctctacgcc 7500
atccgctgctg tgcgcgctc ccgggagttc ctggacttcc tcacgcggcc ggagctgcgc 7560
gaggctttcg gctgcctgct ggccggccag taccgcgcgc cctggagct gctgctgcgc 7620
gtgctgccgc tgcaggagaa gctcacgcgc cactgccctg cgccgcgctt cccggccctg 7680
tgcgcgctgc tgctgtgcca ccgcgacctc gaccgccccg ccgaggcctt cgcgcccgga 7740
gagaggggccc tgcagcgctt gcaggcccg gagggccatc gctactatgc gcctctgctg 7800
gacgccatgg tccgcctggc ctacgcgctg ggcaaggact tcgtgactct gcaggagagg 7860
ctggaggaga gccagctccg gagggccacg ccccaggga tcacctgaa ggagctcact 7920
gtgcgagaat acctgcactg agccggcctg ggacccgca gggacgctgg agatttgggg 7980
tcaccatggc tcacagtggg ctgtttgggg ttcttttttt ttatttttcc ttttcttttt 8040
tgttatttga gacagtcttg ctctgtcacc cagactgaag tgcagtggct caattatgtc 8100
tcactgcagc ctcaaaactcc tgggcacaag caatc 8135

```

<210> 7
 <211> 16
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 7
 ctgggtgcga ttgctc 16

<210> 8
 <211> 16
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 8
 ccaggcccca tgacag 16

<210> 9
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 9
 tgggtccggc ccaatcccaa tgctt 25

<210> 10
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 10
ttcctcatgt ataaattggg tgtggcca

28

<210> 11
<211> 25
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 11
acagagtgag gaccccatct ctatc

25

<210> 12
<211> 25
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 12
tccaactgct gggattacag gcaca

25

<210> 13
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 13
agtccccgag accagggcaa ac

22

<210> 14
<211> 23
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 14
tccatttctg cagtacacat gca

23

<210> 15
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 15
ctctcccat agaaggcatc

20

<210> 16
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 16
ggatagagac gttctcttaa

20

<210> 17
<211> 20
<212> ADN

WO 01/72822

PCT/FR01/00935

<213> Homo sapiens

<400> 17

caggctgaat gacagaacaa

20

<210> 18

<211> 20

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 18

attgaaaaca actccgtcca

20

<210> 19

<211> 25

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 19

atactcactt ttagacagtt caggg

25

<210> 20

<211> 21

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 20

ggctcagttc ctaaccagtt c

21

<210> 21

<211> 20

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 21

agtcagtctg tccagaggtg

20

<210> 22

<211> 20

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 22

tgaatcttac atcccatccc

20

<210> 23

<211> 17

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 23

gatcttccca aagcgcc

17

<210> 24

<211> 17
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 24
tcccgtcagc caagcta

17

<210> 25
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 25
aagcttgat ctttctcagg

20

<210> 26
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 26
atctaccttg gctgtcattg

20

<210> 27
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 27
cctccataat catgtgagcc

20

<210> 28
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 28
aatctcccca actcaagacc

20

<210> 29
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 29
ggatgcctgc tctaaatacc

20

<210> 30
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 30
cccaggggtc aaacttaat

19

<210> 31
<211> 21
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 31
ggtttgaaag tatctccagg g

21

<210> 32
<211> 21
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 32
ggtttgaaag tatctccagg g

21

<210> 33
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 33
gtgcatgtgt tcgtatcaac

20

<210> 34
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 34
tcattctccaa aggagtttct

20

<210> 35
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 35
aaagccaacc ttgcttca

18

<210> 36
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 36
tcttggaac aggtaagtgc

20

<210> 37
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 37

attgccctca agaacagc

18

<210> 38
<211> 17
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 38
gtgctatgcc atcccag

17

<210> 39
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 39
ccacaccagc gtttttctaa

20

<210> 40
<211> 24
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 40
cacactttac acacacctat accc

24

<210> 41
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 41
aagccatatt aggtctgtcc at

22

<210> 42
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 42
gcttgggtta aatgcgtgt

19

<210> 43
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 43
agcagtttgg gtaaaccattg

20

<210> 44
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 44
aaatatgcct tctggaggtg 20

<210> 45
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 45
ggaggatcag gggagtttat 20

<210> 46
<211> 24
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 46
caaagtaaataaat gaatgtctac tgcc 24

<210> 47
<211> 23
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 47
ccaactctgt agtttcaaag agc 23

<210> 48
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 48
tcacagccta cttgcttggt 20

<210> 49
<211> 25
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 49
gacagcctca aatgaaatat aacac 25

<210> 50
<211> 25
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 50
gctctcagct agggtagttg tttat 25

<210> 51
<211> 25

<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 51
atttttaagg aatgtaaagn acaca

25

<210> 52
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 52
gaccaggagt cagtaaaagg

20

<210> 53
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 53
gtccaaaaca ccaccctcta

20

<210> 54
<211> 24
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 54
gaagtagatc agtcattcttg ctgc

24

<210> 55
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 55
tcctctgggg gattcactc

19

<210> 56
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 56
gggacatcac caagcacaag

20

<210> 57
<211> 25
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 57
caggaaaata aatctaacac acata

25

<210> 58
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 58
cctgtgggca ctgataaata

<210> 59
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 59
cccagcccc atctcacg

<210> 60
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 60
cccagcccc atctcacca

<210> 61
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 61
ctgcggagga ggctgctgg

<210> 62
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 62
tcactccac cacccttc

<210> 63
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 63
agaagtttag tgtggcgtgg

<210> 64
<211> 17
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 64
gccatctccc caagccc

20

19

19

19

19

20

17

<210> 65
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 65
tcgatgcgag ctgaagcg

18

<210> 66
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 66
tcgatgcgag ctgaagca

18

<210> 67
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 67
tgaatgttaa agggctctgg

20

<210> 68
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 68
ttggttctca gctccggcg

19

<210> 69
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 69
ttggttctca gctccggca

19

<210> 70
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 70
agaaaccggg ctggctgtg

19

<210> 71
<211> 21
<212> ADN
<213> Homo sapiens

WO 01/72822

PCT/FR01/00935

<400> 71
gcattgcctt ttgatctcta c

21

<210> 72
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 72
tgggctcttc tgcgggga

18

<210> 73
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 73
tgggctcttc tgcggggg

18

<210> 74
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 74
tgcctcttct tctgccttcc

20

<210> 75
<211> 22
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 75
cgagctgtac ctgaggaagc gt

22

<210> 76
<211> 24
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 76
cctgagctgt acctgaggaa gcgc

24

<210> 77
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 77
catcatgagc ccggggtggc

20

<210> 78
<211> 23
<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 78

tttctcttgg cttcctggtg cgt

23

<210> 79

<211> 25

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 79

accttctctt ggcttcctgg tgcgg

25

<210> 80

<211> 26

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 80

gccaaaggtg tcgtgccagg gctcca

26

<210> 81

<211> 20

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 81

atctgagaag gccctgctct

20

<210> 82

<211> 20

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 82

atctgagaag gccctgctcc

20

<210> 83

<211> 19

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 83

cccacactta gccttgatg

19

<210> 84

<211> 19

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 84

atgagtttagc ccagcggag

19

<210> 85

WO 01/72822

PCT/FR01/00935

<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 85
attgagagcc cttggagtg

19

<210> 86
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 86
tgatttcgta agacaagtg

19

<210> 87
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 87
agcaaattct aggagttatg

20

<210> 88
<211> 19
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 88
agctgagatg tccg gatcg

19

<210> 89
<211> 18
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 89
agctgagatt ccggatca

18

<210> 90
<211> 20
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 90
gtcctcttaa cttcccttcc

20